



⑮ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 18 620.7
㉑ Anmeldetag: 21. 4. 98
㉒ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑤ Int. Cl.⁶
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21, C12R
1:19) G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 620 A 1

㉓ **Anmelder:**
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉔ **Vertreter:**
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉕ **Erfinder:**
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ㉖ **Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal**
㉗ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-
dieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebsursachen ist der Blasenkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung. Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedene Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationen können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgeweben können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionsarten der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also durch diese Verärgung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt. Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasenkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127. Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127, b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren. Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassetten mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBS, pBluescript, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWlneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128–390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 128–390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128–390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1–127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 128–390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 128–390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1–127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1–127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte EST-Assemblierung
 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der Gewebespezifischen Expression über elektronischen Northern.
 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Bindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

- Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (falls) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Falls als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleichende verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellen.
- Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verknüpfung der Blasenorgans ESTs.
 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)
 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.
 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verglichen (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteinendatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

- Algorithmus zur Identifikation und Verknüpfung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster
 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

- Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol. 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

- Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 x stärker im normalen Blasen-gewebe als im Tumorgewebe vorkommt.
 Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0312	0.0026	12.203	0.0819	5	
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817		
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058	10	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396	2.9444		
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000		
Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909	2.0372		
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422		
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000		
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000		
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551		
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144		
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	20	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006		
Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626		
Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371		
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	25	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366		
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30	
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139					
Zervix	0.0000					
FOETUS						35
	%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				40	
Gastrointestinal	0.0083					
Gehirn	0.0063					
Haematopoetisch	0.0157					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000				45	
Herz-Blutgefuesse	0.0107					
Lunge	0.0253					
Nebenniere	0.0507					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0182				50	
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0377					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						55
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				60	
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0051					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0035					
Gastrointestinal	0.0122				65	
Haematopoetisch	0.0171					
Haut-Muskel	0.0065					
Hoden	0.0077					
Lunge	0.0082					
Nerven	0.0090					
Prostata	0.0068					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0042					

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	FOETUS	Entwicklung	Häufigkeit	Häufigkeit	Häufigkeit
		N/T	T/N						
5	Blase	0.0741	0.0102	0.0068	Brust	0.0068	0.0000	0.0000	Brust
	Duendarm	0.0061	0.0000	0.0000	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	Eierstock
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	0.0000	Endokrines Gewebe
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.0000	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	Gastrointestinal
	Gastrointestinal	0.0007	0.0021	0.0000	Hämatopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	Hämatopoetisch
	Haut	0.0184	0.0000	0.0000	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	Haut
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	Hepatisch
	Herz	0.0032	0.0000	0.0000	Herz-Blutgefäesse	0.0000	0.0000	0.0000	Herz-Blutgefäesse
	Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	Lunge	0.0036	0.0000	0.0000	Lunge
	Lunge	0.0052	0.0061	0.0000	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	Nebenniere
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	0.0000	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	Niere
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.0000	Placenta	0.0061	0.0000	0.0000	Placenta
20	Niere	0.0027	0.0068	0.0000	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	Prostata
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.0000	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	Samenblase
	Penis	0.0120	0.0267	0.0064	Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	0.0000	Prostata-Hyperplasie
	Prostata	0.0109	0.0064	0.0000	Brust-Hyperplasie	0.0064	0.0000	0.0000	Brust-Hyperplasie
25	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	Uterus_allgemein
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	Uterus	0.0000	0.0000	0.0000	Uterus
	Weisse Blutkörperchen	0.0052	0.0000	0.0000	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	Zervix
30									
35									
40									
45									
50									
55									
60									
65									

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036	
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064	0.5536	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0803				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestenstinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				55
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0128				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0333				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%		N/T	
		%		T/N	
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoeperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefasse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haueufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0077	0.0075	1.0208 0.9796	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0182	0.8223 1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377 0.4907	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314 0.8839	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.2542	0.0144 69.2517	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542 6.4853	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774 1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428	
Penis	0.0060	0.0267	0.2246 4.4517	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0152			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0105			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0259			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0120			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0167			65

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	T/N	%		
					Blase	Blase
5	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656	Brust	0.0460
	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973	Duendarm	0.0000
	0.0000	0.0052	0.0000	undef	Eierstock	0.0000
	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206	Endokrines_Gewebe	0.0038
10	0.0038	0.0000	undef	0.0000	Gastrointestinal	0.0052
	0.0022	0.0072	0.7200	1.3890	Gehirn	0.0000
	0.0013	0.0000	undef	0.0000	Haematopoetisch	0.0000
	0.0294	0.0000	undef	0.0000	Haut	0.0000
	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533	Hepatisch	0.0074
15	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	Hoden	0.0021
	0.0021	0.0000	undef	0.0000	Lunge	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Magen-Speiserohre	0.0103
	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347	Muskel-Skelett	0.0000
20	0.0516	0.0000	undef	0.0000	Niere	0.0000
	0.0090	0.0000	undef	0.0000	Penis	0.0064
	0.0044	0.0000	0.6824	1.4654	Prostata	0.0270
	0.0270	0.0000	undef	0.0000	Uterus_Endometrium	0.0381
25	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Uterus_allgemein	0.1087
	0.1087	0.0000	undef	0.0000	Brust-Hyperplasie	0.0059
	0.0059	0.0089	0.4283	2.3347	Prostata-Hyperplasie	0.0000
30	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Samenblase	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Weisse_Blutkoerperchen	0.0319
	0.0319	0.0000	undef	0.0000	Zervix	0.0557
35	Entwicklung	0.0557	undef	0.0000	Gastrointestinal	0.0028
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Gehirn	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haematopoetisch	0.0000
40	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haut	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Hepatisch	0.0498
	0.0498	0.0036	0.0000	0.0000	Lunge	0.0000
45	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Nebenniere	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Niere	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Placenta	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Prostata	0.0251
	0.0251	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane	0.0208
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				Brust	0.0272
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Eierstock_n	0.0101
	0.0101	0.0000	undef	0.0000	Eierstock_t	0.0116
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	undef	0.0000	Foetal	0.0000
	0.0116	0.0000	undef	0.0000	Gastrointestinal	0.0194
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haematopoetisch	0.0000
60	0.0194	0.0000	undef	0.0000	Haut-Muskel	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Hoden	0.0151
	0.0151	0.0000	undef	0.0000	Nerven	0.0000
	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Prostata	0.0000
65	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane	0.0208
	0.0208	0.0000	undef	0.0000	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

12

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0273		0.0026		10.6781	0.0936	5
Brust	0.0026		0.0019		1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0060		0.0052		1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038		0.0046		0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0037		0.0051		0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000		0.0379		0.0000	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	
Lunge	0.0042		0.0020		2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8567	1.1673	
Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000	20
Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef	
Prostata	0.0000		0.0085		0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0030						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0036						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0061						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0101						
Endokrines_Gewebe	0.0490						55
Foetal	0.0017						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0114						
Haut-Muskel	0.0194						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0040						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%Haueufigkeit		N/T	
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0119	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoeperchen	0.0017	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0028	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Hepatisch	0.0260	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefasse	0.0036	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0254	0.0000	undef	undef
45	Niere	0.0124	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0249	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0126	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haueufigkeit				
	Brust	0.0272	0.0000	5.3391	0.1873
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	3.0624	0.3265
	Eierstock_c	0.0203	0.0052	0.5756	1.7372
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.6792	1.4722
	Foetal	0.0047	0.0046	0.8283	1.2072
	Gastrointestinal	0.0122	0.0038	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0228	0.0067	0.8283	1.2072
60	Haut-Muskel	0.0130	0.0037	0.8283	1.2072
	Hoden	0.0077	0.0058	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0082	0.0042	0.6774	1.4763
	Nerven	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_n	0.0083	0.0076	1.1223	0.8911

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811	1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	20
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0185				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0125				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%Häufigkeit		N/T	
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duendarm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoeperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0185			
45	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0628			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.1293			
	Eierstock	0.1595			
	Eierstock	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0301			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus	0.0624			
55	Eierstock	0.1595			
	Eierstock	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0301			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus	0.0624			
60	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0301			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus	0.0624			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130	0.2556	
Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.1587	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0426				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%		T/N	
		%		T/N	
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duodenum	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiseröhre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
25	uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0089	0.0000	undef	0.0000
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse Blutkörperchen	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	0.0000
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz-Blutgefäße	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nebenniere	0.0507	0.0000	undef	0.0000
45	Niere	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haueufigkeit				
	Brust	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Foetal	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0181	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
65	uterus	0.0583	0.0000	undef	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526	0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830	1.0173	
Duenndarm	0.0215	0.0662	0.3244	3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675	1.3029	10
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731	1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144	1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507	2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597	6.2617	
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169	1.6210	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4202	2.3799	20
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122	0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439	
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479	1.3371	
Penis	0.0689	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709	0.3256	25
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	
Uterus_allgemein	0.0866	0.0954	0.9074	1.1021	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				30
Samenblase	0.4183				
Sinnesorgane	0.0588				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0426				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0185				
Placenta	0.0242				50
Prostata	0.1247				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0244				65
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

20

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0307	0.0038	8.1663	0.1225	
Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	
		65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
%		%		N/T	
T/N		T/N		T/N	
5	Blase	0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenmaere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haefuigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0137			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0390	0.0128	3.0509	0.3278	5	
Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123		
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895		
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	10	
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024		
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890		
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133		
Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971		
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	20	
Magen-Speiserohre	0.0870	0.0153	5.6724	0.1763		
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219		
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	25	
Penis	0.0419	0.0800	0.5241	1.9079		
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598		
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	30	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0064					
Prostata-Hyperplasie	0.0149					
Samenblase	0.0089				35	
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069					
Zervix	0.0106					
FOETUS						
	%Haeufigkeit				35	
Entwicklung	0.0000				40	
Gastrointestenstinal	0.0167					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0079					
Haut	0.0000				45	
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0071					
Lunge	0.0145					
Nebenniere	0.0254				50	
Niere	0.0000					
Placenta	0.0061					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000				55	
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0408					60
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0203					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0099				65	
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0389					
Hoden	0.0000				65	
Lunge	0.0246					
Nerven	0.0070					
Prostata	0.0068					
Sinnesorgane	0.0077				65	
Uterus_n	0.0333					

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%Häufigkeit		N/T	
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duodenum	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiseröhre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
20	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkörperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäße	0.0285			
	Lunge	0.0470			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	%Häufigkeit				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock	0.0000			
	Eierstock	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0026		0.0019		1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0061		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0150		0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000		0.0139		0.0000	undef	10
Gehirn	0.0177		0.0031		5.7597	0.1736	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	15
Lunge	0.0031		0.0123		0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						30
Zervix	0.0000						

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointensteinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefaessee	0.0142	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
%Haeufigkeit			
Brust	0.0000		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0000		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0012		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0065		
Hoden	0.0000		60
Lunge	0.0000		
Nerven	0.0070		
Prostata	0.0068		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus n	0.0125		65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%Häufigkeit		N/T	
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0009	undef	0.0000
	Weisse_Blutkörperchen	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	0.0000
35	Entwicklung	0.0000	0.0028	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0028	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz-Blutgefäße	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	0.0000
45	Niere	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
50	%Häufigkeit	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	Brust	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Foetal	0.0023	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810	2.0791	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
				T/N	
				N/T	
				T/N	
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Sinnesorgane	0.0118	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	0.0000
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071	0.0036	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0036	0.0254	0.0062	0.0000
45	Niere	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haueufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0416			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	%Haueufigkeit		N/T	T/N
			%Haueufigkeit	%Haueufigkeit		
5	Blase	0.0429	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0089	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Siunesorgane	0.0235	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
35	FOETUS	%Haueufigkeit	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
40	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0260	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
45	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Siunesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	%Haueufigkeit	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Foetal	0.0012	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0171	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171	0.0000	0.0000	undef	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Siunesorgane	0.0000	0.0042	0.0000	undef	0.0000
65	Uterus_n	0.0042	0.0000	0.0000	undef	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0312		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0090		0.0056		1.5879	0.6298	
Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0060		0.0052		1.1513	0.8686	10
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0075		0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0077		0.0000		undef	0.0000	
Gehirn	0.0030		0.0051		0.5760	1.7362	15
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000	20
Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0010		0.0020		0.5080	1.9684	25
Magen-Speiserohre	0.0290		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610	30
Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0065		0.0043		1.5354	0.6513	35
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						
Samenblase	0.0000						45
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
Zervix	0.0000						50
							55
							60
							65

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	%Häufigkeit N/T		T/N
			undef	undef	
5	Blase	0.0000	undef	undef	0.0000
	Brust	0.0000	undef	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	undef	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	undef	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	undef	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	undef	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	undef	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	undef	undef	0.0000
	Haut	0.0000	undef	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	undef	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	undef	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	undef	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	undef	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	undef	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	undef	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	undef	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	undef	undef	0.0000
	Penis	0.0000	undef	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	undef	undef	0.0000
	uterus_Endometrium	0.0000	undef	undef	0.0000
	uterus_Myometrium	0.0000	undef	undef	0.0000
25	uterus_allgemein	0.0000	undef	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	undef	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	undef	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	undef	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	undef	undef	0.0000
30	Weisse_Blutkörperchen	0.0026	undef	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	undef	undef	0.0000
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Häufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock	0.0000			
	Eierstock	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	uterus	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639	5	
Brust	0.0307	0.0019	16.3327	0.0612		
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000	10	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef		
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096		
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800		
Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932		
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000		
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368		
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	20	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857		
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	25	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901		
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0128					
Prostata-Hyperplasie	0.0119				30	
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0118					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0213					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					40
Gastrointestenstinal	0.0111					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0039					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000					45
Herz-Blutgefaessee	0.0036					
Lunge	0.0036					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0124					
Placenta	0.0061					50
Prostata	0.0249					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					55
Brust	0.0000					60
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0051					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0023					
Gastrointestinal	0.0122					65
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0097					
Hoden	0.0077					
Lunge	0.0410					
Nerven	0.0010					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus n	0.0250					

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	%Häufigkeit N/T		T/N
			%Häufigkeit	%Häufigkeit	
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse Blutkörperchen	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	0.0000
35	Entwicklung	0.0000	0.0056	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefäße	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0041	0.0122	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0010	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Uterus_n	0.0125	0.0000	0.0000	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T T/N	
Blase	0.0234		0.0000		undef 0.0000	5
Brust	0.0038		0.0000		undef 0.0000	
Duenn darm	0.0031		0.0000		undef 0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef undef	
Herz	0.0053		0.0000		undef 0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef undef	
Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef 0.0000	
Niere	0.0000		0.0000		undef undef	20
Pankreas	0.0033		0.0055		0.5983 1.6714	
Penis	0.0060		0.0000		undef 0.0000	
Prostata	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223 0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Zervix	0.0000					

FOETUS		
%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	20
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	25
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	30
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				35
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				40
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				45
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				50
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				55
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				60
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				70
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				75
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				80
Uterus n	0.0042				

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
	%Häufigkeit		%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm 0.0000	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre 0.0000	Magen-Speiseröhre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelet 0.0000	Muskel-Skelet 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000	Brust-Hyperplasie 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie 0.0000	Prostata-Hyperplasie 0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase 0.0000	Samenblase 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Weisse_Blutkörperchen 0.0000	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix 0.0000	Zervix 0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung 0.0000	Entwicklung 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch 0.0000	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefäesse 0.0000	Herz-Blutgefäesse 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere 0.0000	Nebenniere 0.0000	0.0000	undef	undef
45	Niere 0.0000	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta 0.0000	Placenta 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane 0.0000	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust 0.0000	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n 0.0000	Eierstock_n 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_t 0.0000	Eierstock_t 0.0000	0.0000	undef	undef
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal 0.0000	Foetal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel 0.0000	Haut-Muskel 0.0000	0.0000	undef	undef
60	Hoden 0.0000	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven 0.0000	Nerven 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane 0.0000	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	undef
65	Uterus_n 0.0042	Uterus_n 0.0042	0.0042	undef	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointental	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0310				
Uterus_n	0.0042				

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%Häufigkeit		N/T T/N	
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000		
	Gehirn	0.0000	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000		
40	Hepatisch	0.0000	0.0000		
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000		
	Lunge	0.0000	0.0000		
	Nebenniere	0.0000	0.0000		
	Niere	0.0000	0.0000		
45	Placenta	0.0000	0.0000		
	Prostata	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000		
	Eierstock	0.0000	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000		
	Foetal	0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000		
60	Hoden	0.0000	0.0000		
	Lunge	0.0000	0.0000		
	Nerven	0.0000	0.0000		
	Prostata	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000		
65	Uterus_n	0.0000	0.0000		

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0116				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0456				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0221				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				65

[illegible]

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	%Haueufigkeit N/T		T/N
			undef	0.0000	
5	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	
	Brust	0.0013	0.0019	0.0000	
	Duendarm	0.0031	0.0000	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.0000	
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	0.0000	
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	0.0000	
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	
	Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	
	Lunge	0.0021	0.0041	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	0.0000	
20	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	
	Pankreas	0.0033	0.0000	0.0000	
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	0.0000	
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0056	0.0000	0.0000	
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	
40	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	0.0000	0.0000	
	Lunge	0.0072	0.0000	0.0000	
	Nebenniere	0.0254	0.0000	0.0000	
45	Niere	0.0062	0.0000	0.0000	
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haueufigkeit				
	Brust	0.0136	0.0000	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	
	Foetal	0.0035	0.0000	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	
60	Haut-Muskel	0.0227	0.0000	0.0000	
	Hoden	0.0077	0.0000	0.0000	
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	
	Nerven	0.0050	0.0000	0.0000	
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	0.0000	0.0000	
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196	0.1263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

NORMAL			TUMOR			Verhältnisse		
Blase			%Häufigkeit			N/T		
5	0.0156	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
Brust			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Duendarm			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Eierstock			0.0030	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Gastrointestinal			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Gehirn			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Haematopoetisch			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Haut			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Hepatisch			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Herz			0.0011	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
Hoden			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Lunge			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Magen-Speiseröhre			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Muskel-Skelett			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Niere			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Pankreas			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Penis			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Prostata			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Uterus_Endometrium			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Uterus_Myometrium			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Uterus_allgemein			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Brust-Hyperplasie			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Prostata-Hyperplasie			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Samenblase			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Sinnesorgane			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Weisse_Blutkörperchen			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Zervix			0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
FOETUS			%Häufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal			0.0000	0.0000	0.0000			
Gehirn			0.0000	0.0000	0.0000			
Haematopoetisch			0.0000	0.0000	0.0000			
Haut			0.0000	0.0000	0.0000			
Hepatisch			0.0000	0.0000	0.0000			
Herz-Blutgefäße			0.0000	0.0000	0.0000			
Lunge			0.0000	0.0000	0.0000			
Nebenniere			0.0000	0.0000	0.0000			
Niere			0.0000	0.0000	0.0000			
Placenta			0.0000	0.0000	0.0000			
Prostata			0.0000	0.0000	0.0000			
Sinnesorgane			0.0000	0.0000	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			%Häufigkeit					
50	Brust	0.0000						
Eierstock			0.0000	0.0000	0.0000			
Endokrines_Gewebe			0.0000	0.0000	0.0000			
Foetal			0.0000	0.0000	0.0000			
Gastrointestinal			0.0000	0.0000	0.0000			
Haematopoetisch			0.0000	0.0000	0.0000			
Haut-Muskel			0.0000	0.0000	0.0000			
Hoden			0.0000	0.0000	0.0000			
Lunge			0.0000	0.0000	0.0000			
Nerven			0.0000	0.0000	0.0000			
Prostata			0.0000	0.0000	0.0000			
Sinnesorgane			0.0000	0.0000	0.0000			
Uterus_n			0.0042	0.0000	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0026		0.0019		1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019		0.0093		0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	15
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0052		0.0041		1.2701	0.7873	20
Magen-Speiserohre	0.0193		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1422	0.8755	
Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Pankreas	0.0017		0.0055		0.2991	3.3428	25
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						35
Sinnesorgane	0.0118						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017						
Zervix	0.0000						

FOETUS		
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointensteinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefaesse	0.0071	
Lunge	0.0036	45
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

NORMAL			TUMOR			Verhaeltnisse		
%Haeufigkeit			%Haeufigkeit			N/T		
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
35	FOETUS							
	%Haeufigkeit							
	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
45	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit							
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef
	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef	undef	0.0000	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

N/L T/N ttektitneht ttektitneht

undef	undef	0.0000	0.0000
-------	-------	--------	--------

0000.0	0000.0	0000.0	0000.0
0000.0	0000.0	0000.0	0000.0

Japan	Japan	0000 0	0000 0
Japan	Japan	0000:0	0000:0

0.0000	0.0000	under	under
0.0000	0.0000	under	under

Japan	Japan	0000.0	0000.0
-------	-------	--------	--------

jəpʌn	jəpʌn	0000.0	0000.0
-------	-------	--------	--------

0000.0	0000.0	0000.0	0000.0
0000.0	0000.0	0000.0	0000.0

00000	00000	00000	00000
00000	00000	00000	00000

00000 0	00000 0
00000 0	00000 0

0.0000	0.0000	undef	undef
--------	--------	-------	-------

undef	undef	0000.0	0000.0
-------	-------	--------	--------

0000:0	0000:0	0000:0	0000:0
0000:0	0000:0	0000:0	0000:0

0000 0
0000 0

0000'0

0000'0

00000:0

FOOTNOTES

§HaueuTigkei

0000*0

0000:0
0000:0

0000 0
0000 0

0000*0

0000'0
0000'0

0000 0
0000 0

0000 0
0000 0

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

0000 0
312567700000

0000 0
0000 0

0000 0

0000'0

0000 0
0000 0

0000 9
0000 0

0000*0

0000'0
0000'0

00000:0 1

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
Blase		%Haueufigkeit		%Haueufigkeit N/T	
5	0.0273	0.0000	0.0000	undef	0.0000
Brust		0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
Duendarm		0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock		0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
Endokrines_Gewebe		0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
Gastrointestinal		0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
Gehirn		0.0007	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch		0.0013	0.0000	undef	0.0000
Haut		0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch		0.0048	0.0000	undef	0.0000
Herz		0.0042	0.0000	undef	0.0000
Hoden		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Lunge		0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
Magen-Speiserohre		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett		0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere		0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Penis		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Prostata		0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
Uterus_Endometrium		0.0068	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium		0.0000	0.0068	0.0000	undef
Uterus_allgemein		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie		0.0064	0.0000	undef	0.0000
Prostata-Hyperplasie		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Samenblase		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Sinnesorgane		0.0000	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen		0.0017	0.0000	undef	0.0000
Zervix		0.0000	0.0000	undef	0.0000
FOETUS					
%Haueufigkeit					
35	0.0278				
Entwicklung		0.0000	0.0000		
Gastrointestinal		0.0000	0.0000		
Gehirn		0.0000	0.0000		
Haematopoetisch		0.0000	0.0000		
Haut		0.0000	0.0000		
Hepatisch		0.0000	0.0000		
Herz-Blutgefuesse		0.0036	0.0000		
Lunge		0.0072	0.0000		
Nebenniere		0.0000	0.0000		
Niere		0.0000	0.0000		
Placenta		0.0061	0.0000		
Prostata		0.0249	0.0000		
Sinnesorgane		0.0000	0.0000		
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haueufigkeit					
50	0.0000				
Brust		0.0000	0.0000		
Eierstock		0.0000	0.0000		
Eierstock_t		0.0000	0.0000		
Endokrines_Gewebe		0.0000	0.0000		
Foetal		0.0017	0.0000		
Gastrointestinal		0.0000	0.0000		
Haematopoetisch		0.0000	0.0000		
Haut-Muskel		0.0000	0.0000		
Hoden		0.0000	0.0000		
Lunge		0.0000	0.0000		
Nerven		0.0060	0.0000		
Prostata		0.0000	0.0000		
Sinnesorgane		0.0000	0.0000		
Uterus_n		0.0000	0.0000		
65	0.0000				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
	%Häufigkeit		%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	Blase 0.0000	undef	undef	undef
	Brust 0.0000	Brust 0.0000	undef	undef	undef
	Duendarm 0.0000	Duendarm 0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock 0.0000	Eierstock 0.0000	undef	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	Endokrines_Gewebe 0.0000	undef	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	Gastrointestinal 0.0000	undef	undef	undef
	Gehirn 0.0000	Gehirn 0.0000	undef	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	Haematopoetisch 0.0000	undef	undef	undef
	Haut 0.0000	Haut 0.0000	undef	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	Hepatisch 0.0000	undef	undef	undef
15	Herz 0.0000	Herz 0.0000	undef	undef	undef
	Hoden 0.0000	Hoden 0.0000	undef	undef	undef
	Lunge 0.0000	Lunge 0.0000	undef	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	Magen-Speiserohre 0.0000	undef	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	Muskel-Skelett 0.0000	undef	undef	undef
20	Niere 0.0000	Niere 0.0000	undef	undef	undef
	Pankreas 0.0000	Pankreas 0.0000	undef	undef	undef
	Penis 0.0000	Penis 0.0000	undef	undef	undef
	Prostata 0.0000	Prostata 0.0000	undef	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	Uterus_Endometrium 0.0000	undef	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	Uterus_Myometrium 0.0000	undef	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	Uterus_allgemein 0.0000	undef	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000	Brust-Hyperplasie 0.0000	undef	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie 0.0000	Prostata-Hyperplasie 0.0000	undef	undef	undef
	Samenblase 0.0000	Samenblase 0.0000	undef	undef	undef
30	Sinnesorgane 0.0000	Sinnesorgane 0.0000	undef	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	undef	undef	undef
	Zervix 0.0000	Zervix 0.0000	undef	undef	undef
35	Entwicklung 0.0000	Entwicklung 0.0000	undef	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	Gastrointestinal 0.0000	undef	undef	undef
	Gehirn 0.0000	Gehirn 0.0000	undef	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	Haematopoetisch 0.0000	undef	undef	undef
40	Haut 0.0000	Haut 0.0000	undef	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	Hepatisch 0.0000	undef	undef	undef
	Herz-Blutgefasse 0.0000	Herz-Blutgefasse 0.0000	undef	undef	undef
	Lunge 0.0000	Lunge 0.0000	undef	undef	undef
	Nebenniere 0.0000	Nebenniere 0.0000	undef	undef	undef
45	Niere 0.0000	Niere 0.0000	undef	undef	undef
	Placenta 0.0000	Placenta 0.0000	undef	undef	undef
	Prostata 0.0000	Prostata 0.0000	undef	undef	undef
	Sinnesorgane 0.0000	Sinnesorgane 0.0000	undef	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust 0.0000	Brust 0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock_n 0.0000	Eierstock_n 0.0000	undef	undef	undef
	Eierstock_t 0.0000	Eierstock_t 0.0000	undef	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	Endokrines_Gewebe 0.0000	undef	undef	undef
55	Foetal 0.0000	Foetal 0.0000	undef	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	Gastrointestinal 0.0000	undef	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	Haematopoetisch 0.0000	undef	undef	undef
	Haut-Muskel 0.0000	Haut-Muskel 0.0000	undef	undef	undef
60	Hoden 0.0000	Hoden 0.0000	undef	undef	undef
	Lunge 0.0000	Lunge 0.0000	undef	undef	undef
	Nerven 0.0000	Nerven 0.0000	undef	undef	undef
	Prostata 0.0000	Prostata 0.0000	undef	undef	undef
65	Sinnesorgane 0.0000	Sinnesorgane 0.0000	undef	undef	undef
	Uterus_n 0.0000	Uterus_n 0.0000	undef	undef	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

[illegible]

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef		
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef		
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000				30	
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit				35	
Entwicklung	0.0000				40	
Gastrointenstinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000				45	
Herz-Blutgefaessee	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0000				50	
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit				55	
Brust	0.0000				60	
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000				65	
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
Blase		%Häufigkeit		%Häufigkeit N/T	
5	0.0156	0.0000	undef	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse Blutkörperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0028	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefäße	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Plazenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Foetal	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228	0.0000	undef	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0036				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
					55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				60
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0077				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

[illegible]

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
%Häufigkeit		%Häufigkeit		N/T	
Blase		0.0156		undef 0.0000	
Brust		0.0051		1.3611 0.7347	
Dünndarm		0.0031		undef 0.0000	
Eierstock		0.0030		undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe		0.0051		undef 0.0000	
Gastrointestinal		0.0038		undef 0.0000	
Gehirn		0.0022		1.0799 0.9260	
Haematopoetisch		0.0000		undef undef	
Haut		0.0000		undef undef	
Hepatisch		0.0000		undef undef	
Herz		0.0021		undef 0.0000	
Hoden		0.0000		undef undef	
Lunge		0.0000		undef undef	
Magen-Speiseröhre		0.0000		undef undef	
Muskel-Skelett		0.0000		0.0000 undef	
Niere		0.0027		undef 0.0000	
Pankreas		0.0050		undef 0.0000	
Penis		0.0000		undef undef	
Prostata		0.0000		0.0021 0.0000	
Uterus_Endometrium		0.0000		undef undef	
Uterus_Myometrium		0.0000		undef undef	
Uterus_allgemein		0.0051		undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie		0.0032			
Prostata-Hyperplasie		0.0000			
Samenblase		0.0000			
Sinnesorgane		0.0000			
Weisse_Blutkörperchen		0.0009			
Zervix		0.0000			
FOETUS					
%Häufigkeit					
Entwicklung		0.0000			
Gastrointestinal		0.0000			
Gehirn		0.0000			
Haematopoetisch		0.0000			
Haut		0.0000			
Hepatisch		0.0000			
Herz-Blutgefäße		0.0000			
Lunge		0.0000			
Nebenniere		0.0000			
Niere		0.0000			
Placenta		0.0000			
Prostata		0.0000			
Sinnesorgane		0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Häufigkeit					
Brust		0.0000			
Eierstock		0.1595			
Eierstock		0.0203			
Endokrines_Gewebe		0.0000			
Foetal		0.0000			
Gastrointestinal		0.0000			
Haematopoetisch		0.0000			
Haut-Muskel		0.0000			
Hoden		0.0000			
Lunge		0.0000			
Nerven		0.0070			
Prostata		0.0000			
Sinnesorgane		0.0000			
Uterus		0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%		T/N	
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelet	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0063	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefasse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%				
	Brust	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Foetal	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0351		0.0051		6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026		0.0075		0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0015		0.0041		0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326	
Lunge	0.0042		0.0041		1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0120		0.0000	undef	
Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0089						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0118						30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009						
Zervix	0.0106						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0278						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						40
Haut	0.0000						
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0061						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						55
Endokrines_Gewebe	0.0000						
Foetal	0.0012						
Gastrointestinal	0.0122						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0097						60
Hoden	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0050						
Prostata	0.0068						
Sinnesorgane	0.0000						65
Uterus_n	0.0042						

NORMAL			TUMOR			Verhältnisse		
Blase			Häufigkeit			N/T		
5	0.0156	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	undef
Brust			Häufigkeit			N/T		
Duendarm			Häufigkeit			N/T		
Eierstock			Häufigkeit			N/T		
Endokrines Gewebe			Häufigkeit			N/T		
Gastrointestinal			Häufigkeit			N/T		
Gehirn			Häufigkeit			N/T		
Haematopoetisch			Häufigkeit			N/T		
Haut			Häufigkeit			N/T		
Hepatisch			Häufigkeit			N/T		
Herz			Häufigkeit			N/T		
Hoden			Häufigkeit			N/T		
Lunge			Häufigkeit			N/T		
Magen-Speiseröhre			Häufigkeit			N/T		
Muskel-Skelett			Häufigkeit			N/T		
Niere			Häufigkeit			N/T		
Pankreas			Häufigkeit			N/T		
Penis			Häufigkeit			N/T		
Prostata			Häufigkeit			N/T		
Uterus_Endometrium			Häufigkeit			N/T		
Uterus_Myometrium			Häufigkeit			N/T		
Uterus_allgemein			Häufigkeit			N/T		
Brust-Hyperplasie			Häufigkeit			N/T		
Prostata-Hyperplasie			Häufigkeit			N/T		
Samenblase			Häufigkeit			N/T		
Sinnesorgane			Häufigkeit			N/T		
Weisse Blutkörperchen			Häufigkeit			N/T		
Zervix			Häufigkeit			N/T		
FOETUS			Häufigkeit			N/T		
Entwicklung			Häufigkeit			N/T		
Gastrointestinal			Häufigkeit			N/T		
Gehirn			Häufigkeit			N/T		
Haematopoetisch			Häufigkeit			N/T		
Haut			Häufigkeit			N/T		
Hepatisch			Häufigkeit			N/T		
Herz-Blutgefäße			Häufigkeit			N/T		
Lunge			Häufigkeit			N/T		
Nebenniere			Häufigkeit			N/T		
Niere			Häufigkeit			N/T		
Placenta			Häufigkeit			N/T		
Prostata			Häufigkeit			N/T		
Sinnesorgane			Häufigkeit			N/T		
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			Häufigkeit			N/T		
Brust			Häufigkeit			N/T		
Eierstock_n			Häufigkeit			N/T		
Eierstock_t			Häufigkeit			N/T		
Endokrines Gewebe			Häufigkeit			N/T		
Foetal			Häufigkeit			N/T		
Gastrointestinal			Häufigkeit			N/T		
Haematopoetisch			Häufigkeit			N/T		
Haut-Muskel			Häufigkeit			N/T		
Hoden			Häufigkeit			N/T		
Lunge			Häufigkeit			N/T		
Nerven			Häufigkeit			N/T		
Prostata			Häufigkeit			N/T		
Sinnesorgane			Häufigkeit			N/T		
Uterus_n			Häufigkeit			N/T		

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef		
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef		
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef		
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30	
Samenblase	0.0089					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					40
Gastrointestenstinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000					45
Herz-Blutgefaessee	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0000					50
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					55
Brust	0.0000					60
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					65
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					65
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0077					65
Uterus n	0.0000					

NORMAL TUMOR Verhältnisse

%Haueufgkeit %Haueufgkeit N/T T/N

0.0234 0.0026 9.1527 0.1093

Blase 0.0000 Brust 0.0000

Duennarm 0.0000 Eierstock 0.0000

Endokrines Gewebe 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Gehirn 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut 0.0000

Hepatisch 0.0000

Herz 0.0000

Hoden 0.0000

Lunge 0.0000

Magen-Speiserohre 0.0000

Muskel-Skelett 0.0000

Niere 0.0000

Pankreas 0.0000

Penis 0.0000

Prostata 0.0000

Uterus Endometrium 0.0000

Uterus Myometrium 0.0000

Uterus allgemein 0.0000

Brust-Hyperplasie 0.0000

Prostata-Hyperplasie 0.0000

Samenblase 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

Weisse Blutkoeperchen 0.0000

Zervix 0.0000

30

FOETUS

%Haueufgkeit

Entwicklung 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Gehirn 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut 0.0000

Hepatisch 0.0000

Herz-Blutgefuesse 0.0000

Lunge 0.0000

Nebeniere 0.0000

Niere 0.0000

Placenta 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haueufgkeit

Brust 0.0000

Eierstock 0.0000

Eierstock 0.0000

Endokrines Gewebe 0.0000

Foetal 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut-Muskel 0.0000

Hoden 0.0000

Lunge 0.0000

Nerven 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

Uterus 0.0000

65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

NORMAL TUMOR Verhältnisse

%Häufigkeit %Häufigkeit N/T T/N

Blase 0.0195 0.0000 undef undef

Duendarm 0.0000 0.0000 undef undef

Eierstock 0.0000 0.0000 undef undef

Endokrines_Gewebe 0.0000 0.0000 undef undef

Gastrointestinal 0.0000 0.0000 undef undef

Gehirn 0.0000 0.0000 undef undef

Haematopoetisch 0.0000 0.0000 undef undef

Haut 0.0000 0.0000 undef undef

Hepatisch 0.0000 0.0000 undef undef

Herz 0.0000 0.0000 undef undef

Hoden 0.0000 0.0000 undef undef

Lunge 0.0000 0.0000 undef undef

Magen-Speiserohre 0.0000 0.0000 undef undef

Muskel-Skelett 0.0000 0.0000 undef undef

Niere 0.0000 0.0000 undef undef

Pankreas 0.0000 0.0000 undef undef

Penis 0.0000 0.0000 undef undef

Prostata 0.0000 0.0000 undef undef

Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef

Uterus_Myometrium 0.0000 0.0000 undef undef

Uterus_allgemein 0.0000 0.0000 undef undef

Brust-Hyperplasie 0.0000 0.0000 undef undef

Prostata-Hyperplasie 0.0000 0.0000 undef undef

Samenblase 0.0000 0.0000 undef undef

Sinnesorgane 0.0000 0.0000 undef undef

Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 0.0000 undef undef

Zervix 0.0000 0.0000 undef undef

FOETUS

%Häufigkeit

Entwicklung 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Gehirn 0.0000

Haematopoetisch 0.0039

Haut 0.0000

Hepatisch 0.0000

Herz-Blutgefasse 0.0000

Lunge 0.0000

Nebenliere 0.0000

Niere 0.0000

Placenta 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

%Häufigkeit

Brust 0.0000

Eierstock 0.0000

Eierstock_t 0.0000

Endokrines_Gewebe 0.0000

Foetal 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut-Muskel 0.0000

Hoden 0.0000

Lunge 0.0000

Nerven 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

Uterus_n 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Häufigkeit

Brust 0.0000

Eierstock 0.0000

Eierstock_t 0.0000

Endokrines_Gewebe 0.0000

Foetal 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut-Muskel 0.0000

Hoden 0.0000

Lunge 0.0000

Nerven 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0858	0.0077	11.1866	0.0894	5
Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0278	0.1381	7.2434	10
Gehirn	0.0022	0.0144	0.1543	6.4818	
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379	
Haut	0.0734	0.1695	0.4332	2.3084	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647	15
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef	
Lunge	0.0073	0.0164	0.4445	2.2496	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265	
Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0462				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
					60
					65

[illegible]

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
					60
					65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse		N/T		%Häufigkeit	
5	Blase	0.0585	0.0077	7.6272	0.1311	10.2079	0.0980	Brust	0.0192
	Duendarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Eierstock	0.0090
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	0.0000	undef	Gastrointestinal	0.0307
10	Gehirn	0.0118	0.0062	1.9199	0.5209	undef	0.0000	Haematopoetisch	0.0013
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Hepatisch	0.0190
15	Herz	0.0244	0.0000	2.9412	0.3400	undef	0.0000	Hoden	0.0058
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	0.0000	undef	Magen-Speiseröhre	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef	Niere	0.0054
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Penis	0.0509
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582	undef	0.0000	Uterus_Endometrium	0.0135
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Uterus_allgemein	0.0102
	Brust-Hyperplasie	0.0320	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Prostata-Hyperplasie	0.0238
30	Samenblase	0.0089	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse Blutkörperchen	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Zervix	0.0000
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Herz-Blutgefäesse	0.0071
	Lunge	0.0036	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane	0.0251
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN								
	Brust	0.0204	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Eierstock	0.0000
	Eierstock	0.0101	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Endokrines Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0082	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0162	undef	0.0000	undef	0.0000	Hoden	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0162	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040	0.0068	undef	0.0000	undef	0.0000	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0155	0.0000	undef	0.0000	undef	0.0000	Uterus	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				55
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

	NORMAL	%Haeufigkeit	TUMOR	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blaese	0.0195	Brust	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0000	Eierstock	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	Gastrointestinal	undef 0.0000
10	Gehirn	0.0000	Haut	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	Hepatisch	undef undef
	Hoden	0.0000	Magen-Speiserohre	undef undef
15	Lunge	0.0000	Muskel-Skelett	undef undef
	Niere	0.0000	Pankreas	undef undef
20	Penis	0.0000	Samenblase	undef undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	Uterus_Endometrium	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	Uterus_Myometrium	undef undef
25	uterus_allgemein	0.0000	Zervix	undef undef
	Simmesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Foetus	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
45	Herz-Blutgefasse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Simmesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	%Haeufigkeit		
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Simmesorgane	0.0000		
65	uterus_n	0.0000		

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

5	Blase	0.0702	0.0026	27.4580	0.0364
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefasse	0.0142	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245	0.0012	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nieren	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245	0.0012	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245	0.0012	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245	0.0012	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0012	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796	0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
					60
					65

NORMAL TUMOR Verhaeltnisse

%Haueufigkeit %Haueufigkeit N/T T/N

Blase 0.0156 0.0000 0.0000 0.0000

Brust 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Duendarm 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Eierstock 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Endokrines Gewebe 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Gastrointestinal 0.0000 0.0093 0.0000 0.0000

Gehirn 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Haematopoetisch 0.0013 0.0000 0.0000 0.0000

Haut 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Hepatisch 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Herz 0.0011 0.0412 0.0257 38.9118

Hoden 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Lunge 0.0000 0.0020 0.0000 0.0000

Magen-Speiserohre 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Muskel-Skelett 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Niere 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Pankreas 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Penis 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Prostata 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Uterus_Myometrium 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Uterus_allgemein 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Brust-Hyperplasie 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Prostata-Hyperplasie 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Samenblase 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Sinnesorgane 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Weisse Blutkoerperchen 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

Zervix 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000

FOETUS

%Haueufigkeit

Entwicklung 0.0278

Gastrointestinal 0.0000

Gehirn 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut 0.0000

Hepatisch 0.0000

Herz-Blutgefuesse 0.0000

Lunge 0.0000

Nebenniere 0.0000

Niere 0.0000

Placenta 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haueufigkeit

Brust 0.0000

Eierstock_n 0.0000

Eierstock_t 0.0000

Endokrines Gewebe 0.0000

Foetal 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut-Muskel 0.0000

Hoden 0.0000

Lunge 0.0000

Nerven 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0351		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
%Haeufigkeit							
Entwicklung	0.0000						35
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
%Haeufigkeit							
Brust	0.0000						50
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

NORMAL TUMOR Verhältnisse

%Haueufigkeit %Haueufigkeit N/T T/N

Blase 0.0624 0.0102 6.1018 0.1639

Brust 0.0141 0.0056 2.4953 0.4008

Duendarm 0.0215 0.0000 undef 0.0000

Eierstock 0.0150 0.0078 1.9188 0.5212

Endokrines_Gewebe 0.0187 0.0050 3.7359 0.2677

Gastrointestinal 0.0307 0.0139 2.2089 0.4527

Gehirn 0.0214 0.0082 2.6099 0.3832

Haematopoetisch 0.0053 0.0000 undef 0.0000

Haut 0.0147 0.0000 undef 0.0000

Hepatisch 0.0190 0.0065 2.9412 0.3400

Herz 0.0360 0.0137 2.6213 0.3815

Hoden 0.0000 0.0000 undef undef

Lunge 0.0083 0.0041 2.0321 0.4921

Magen-Speiserohre 0.0097 0.0000 undef 0.0000

Muskel-Skelett 0.0171 0.0060 2.8555 0.3502

Niere 0.0136 0.0548 0.2478 4.0351

Pankreas 0.0083 0.0387 0.2137 4.6800

Penis 0.0150 0.0000 undef 0.0000

Prostata 0.0087 0.0064 1.3648 0.7327

uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef

uterus_Myometrium 0.0000 0.0000 undef undef

uterus_allgemein 0.0255 0.0000 undef 0.0000

Brust-Hyperplasie 0.0288 0.0000 undef 0.0000

Prostata-Hyperplasie 0.0119 0.0000 undef 0.0000

Samenblase 0.1246 0.0000 undef 0.0000

Sinnesorgane 0.0000 0.0000 undef 0.0000

Weisse_Blutkoerperchen 0.0017 0.0000 undef 0.0000

Zervix 0.0000 0.0000 undef 0.0000

FOETUS

%Haueufigkeit

Entwicklung 0.0000

Gastrointestinal 0.0028

Gehirn 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut 0.0000

Hepatisch 0.0000

Herz-Blutgefasse 0.0036

Lunge 0.0108

Nebenniere 0.0000

Niere 0.0000

Placenta 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haueufigkeit

Brust 0.0136

Eierstock_n 0.0000

Eierstock_t 0.0000

Endokrines_Gewebe 0.0000

Foetal 0.0012

Gastrointestinal 0.0122

Haematopoetisch 0.0000

Haut-Muskel 0.0000

Hoden 0.0077

Lunge 0.0082

Nerven 0.0010

Prostata 0.0205

Sinnesorgane 0.0000

uterus_n 0.0083

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoeperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefäesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	undef	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396	0.1344	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0201				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0310				
Uterus_n	0.0000				65

NORMAL TUMOR Verhältnisse
%Haufigkeit %Haufigkeit N/T T/N

5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Duendarm 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Prostata-Hyperplasie 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Samenblase 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Zervix 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef

FOETUS
%Haufigkeit

35	Entwicklung 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Herz-Blutgefuesse 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Nebenniere 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Placenta 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
45					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haufigkeit

50	Brust 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Eierstock_n 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Eierstock_t 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Foetal 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Haut-Muskel 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Nerven 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
	Uterus_n 0.0000	0.0000	undef	0.0000	undef
65					

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				60
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				
					65

NORMAL	TUMOR	Verhältnis	N/T	T/N	%	Beschreibung
5	0.0273	0.0051	0.0000	undef	0.0000	Blase
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Brust
	0.0031	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Duennarm
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Eierstock
	0.0017	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Endokrines_Gewebe
10	0.0019	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Gastrointestinal
	0.0000	0.0010	0.0000	undef	0.0000	Gehirn
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haematopoetisch
	0.0037	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haut
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Hepatisch
15	0.0011	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Herz
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Hoden
	0.0021	0.0041	0.0000	undef	0.0000	Lunge
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Magen-Speiserohre
	0.0000	0.0060	0.0000	undef	0.0000	Muskel-Skelett
20	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Niere
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Pankreas
	0.0030	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Penis
	0.0044	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Prostata
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Uterus_Endometrium
25	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Uterus_Myometrium
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Uterus_allgemein
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Brust-Hyperplasie
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Prostata-Hyperplasie
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Samenblase
30	0.0009	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Weisse_Blutkoerperchen
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Zervix
35	0.0139	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Entwicklung
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Gastrointestinal
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Gehirn
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haematopoetisch
40	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haut
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Hepatisch
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Herz-Blutgefuesse
	0.0036	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Lunge
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Nebenniere
45	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Niere
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Placenta
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Prostata
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane
50	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Brust
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Eierstock_n
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Eierstock_t
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Endokrines_Gewebe
	0.0012	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Foetal
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Gastrointestinal
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haematopoetisch
60	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Haut-Muskel
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Hoden
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Lunge
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Nerven
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Prostata
	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Sinnesorgane
65	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	Uterus_n

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haueufigkeit

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
					55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				60
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				65
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

NORMAL TUMOR Verhältnisse

%Haueufigkeit N/T T/N

Blase 0.0312 0.0000 undef 0.0000

Brust 0.0000 0.0000 undef undef

Duendarm 0.0000 0.0000 undef undef

Eierstock 0.0000 0.0000 undef undef

Endokrines Gewebe 0.0000 0.0000 undef undef

Gastrointestinal 0.0000 0.0000 undef undef

Gehirn 0.0015 0.0010 1.4399 0.6945

Haematopoetisch 0.0000 0.0000 undef undef

Haut 0.0000 0.0000 undef undef

Hepatisch 0.0000 0.0065 0.0000 undef

Herz 0.0000 0.0000 undef undef

Hoden 0.0000 0.0000 undef undef

Lunge 0.0000 0.0000 undef undef

Magen-Speiserohre 0.0000 0.0000 undef undef

Muskel-Skelett 0.0000 0.0000 undef undef

Niere 0.0000 0.0000 undef undef

Pankreas 0.0000 0.0000 undef undef

Penis 0.0000 0.0000 undef undef

Prostata 0.0000 0.0000 undef undef

Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000 undef undef

Uterus_Myometrium 0.0000 0.0000 undef undef

Uterus_allgemein 0.0000 0.0000 undef undef

Brust-Hyperplasie 0.0000 0.0000 undef undef

Prostata-Hyperplasie 0.0000 0.0000 undef undef

Samenblase 0.0000 0.0000 undef undef

Sinnesorgane 0.0000 0.0000 undef undef

Weisse Blutkoeperchen 0.0000 0.0000 undef undef

Zervix 0.0000 0.0000 undef undef

FOETUS

%Haueufigkeit

Entwicklung 0.0000

Gastrointestinal 0.0000

Gehirn 0.0000

Haematopoetisch 0.0000

Haut 0.0000

Hepatisch 0.0000

Herz-Blutgefasse 0.0000

Lunge 0.0000

Nebenniere 0.0000

Niere 0.0000

Placenta 0.0000

Prostata 0.0000

Sinnesorgane 0.0000

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Brust 0.0000
Eierstock_n 0.0000
Eierstock t 0.0000
Endokrines Gewebe 0.0000
Foetal 0.0006
Gastrointestinal 0.0000
Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0000
Hoden 0.0000
Lunge 0.0000
Nerven 0.0010
Prostata 0.0000
Sinnesorgane 0.0000
uterus_n 0.0000

%Haueufigkeit

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	N/T	T/N		NORMAL	
						Blase	Blase
5						0.0312	0.0051
						Brust	0.0102
						0.0031	0.0000
						Duendarm	0.0000
						Eierstock	0.0030
						0.0051	0.0000
						Endokrines_Gewebe	0.0125
10						Gastrointestinal	0.0000
						0.0077	0.0000
						Gehirn	0.0329
						0.0067	0.0000
						Haematopoetisch	0.0080
						Haut	0.0330
						0.0333	0.0000
						Hepatisch	0.0137
15						Herz	0.0127
						0.0058	0.0000
						Hoden	0.0000
						Lunge	0.0156
						0.0082	0.0000
						Magen-Speiserohre	0.0000
						Muskel-Skelett	0.0120
						0.0051	0.4283
						Niere	0.0205
						0.0027	0.4487
						Pankreas	2.2286
20						0.0050	0.2246
						Penis	4.4517
						0.0060	1.0236
						Prostata	0.9769
						0.0131	undef
						Uterus_Endometrium	0.0000
						0.0000	undef
						Uterus_Myometrium	0.0000
						0.0000	undef
25						Uterus_allgemein	0.0102
						0.0128	undef
						Brust-Hyperplasie	0.0000
						0.0208	undef
						Prostata-Hyperplasie	0.0000
						0.0089	undef
						Samenblase	0.0000
						0.0118	undef
30						Sinnesorgane	0.0147
						Weisse_Blutkoerperchen	0.0000
						0.0000	undef
						Zervix	0.0000
						Entwicklung	0.0000
35						0.0056	%Hauefigkeit
						Gastrointestinal	0.0000
						Gehirn	0.0000
						Haematopoetisch	0.0079
						Haut	0.0000
						Hepatisch	0.0000
						Herz-Blutgefasse	0.0036
						Lunge	0.0072
						Nebenniere	0.0000
						0.0000	undef
						Niere	0.0000
45						Placenta	0.0545
						Prostata	0.0000
						Sinnesorgane	0.0000
						Brust	0.0340
						Eierstock	0.0000
						Eierstock	0.0608
						Endokrines_Gewebe	0.0000
						Foetal	0.0198
						Gastrointestinal	0.0000
						Haematopoetisch	0.0171
						Haut-Muskel	0.0032
						Hoden	0.0000
						Lunge	0.0000
						Nerven	0.0020
						Prostata	0.0068
						Sinnesorgane	0.0697
						Uterus_n	0.0000
65							

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564	
Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	
Lunge	0.0218	0.0266	0.8207	1.2185	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	20
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0213	1.1260	0.8881	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0213				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
	%Häufigkeit		%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195		0.0026	7.6272	0.1311
	Brust 0.0051		0.0094	0.5444	1.8368
	Duodenum 0.0092		0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock 0.0000		0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0119		0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal 0.0019		0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0030		0.0103	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch 0.0067		0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073		0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000		0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0032		0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058		0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052		0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseröhre 0.0000		0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017		0.0120	0.1428	7.0040
	Niere 0.0081		0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0050		0.0055	0.8974	1.1143
	Penis 0.0030		0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022		0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000		0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0381		0.0068	5.6113	0.1782
25	Uterus_allgemein 0.0000		0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089				
	Samenblase 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
30	Weisse_Blutkörperchen 0.0095				
	Zervix 0.0106				
35	Entwicklung 0.0000				
	Gastrointestinal 0.0028				
	Gehirn 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0000				
40	Haut 0.2513				
	Hepatisch 0.0000				
	Herz-Blutgefäße 0.0000				
	Lunge 0.0036				
	Nebenniere 0.0000				
45	Niere 0.0185				
	Placenta 0.0061				
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust 0.0204				
	Eierstock 0.0000				
	Eierstock 0.0709				
55	Endokrines_Gewebe 0.0000				
	Foetal 0.0070				
	Gastrointestinal 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0228				
60	Haut-Muskel 0.0194				
	Hoden 0.0000				
	Lunge 0.0000				
	Nerven 0.0010				
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
65	Uterus 0.0250				

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0351		0.0026		13.7290	0.0728	5
Brust	0.0026		0.0094		0.2722	3.6736	
Duendarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0075		0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0093		0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037		0.0051		0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190		0.0129		1.4706	0.6800	
Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0058		0.0117		0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0021		0.0061		0.3387	2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef	
Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0050		0.0166		0.2991	3.3428	20
Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0044		0.0106		0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0063						
Haematopoetisch	0.0079						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0036						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0062						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0251						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0116						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0194						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0082						
Nerven	0.0010						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0155						
Uterus_n	0.0208						65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
Blase		%Haueufigkeit		%Haueufigkeit N/T	
5	0.0195	0.0000	undef	0.0000	undef
Brust		0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
Duendarm		0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock		0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines Gewebe		0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
Gastrointestinal		0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
Gehirn		0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
Haematopoetisch		0.0013	0.0000	undef	0.0000
Haut		0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch		0.0095	0.0000	undef	0.0000
Herz		0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden		0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge		0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
Magen-Speiserohre		0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett		0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere		0.0054	0.0000	undef	0.0000
Pankreas		0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
Penis		0.0180	0.0000	undef	0.0000
Prostata		0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
Uterus_Endometrium		0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
Uterus_Myometrium		0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
Uterus_allgemein		0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie		0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata-Hyperplasie		0.0000	0.0000	undef	undef
Samenblase		0.0089	0.0000	undef	undef
Sinnesorgane		0.0000	0.0000	undef	undef
Weisse Blutkoeperchen		0.0000	0.0000	undef	undef
Zervix		0.0000	0.0000	undef	undef
Entwicklung		0.0139	0.0139	undef	undef
%Haueufigkeit		0.0139	0.0139	undef	undef
35	0.0139	0.0139	0.0139	undef	undef
Gastrointestinal		0.0083	0.0083	undef	undef
Gehirn		0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch		0.0000	0.0000	undef	undef
Haut		0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch		0.0000	0.0000	undef	undef
Herz-Blutgefasse		0.0071	0.0071	undef	undef
Lunge		0.0072	0.0072	undef	undef
Nebenniere		0.0000	0.0000	undef	undef
Niere		0.0062	0.0062	undef	undef
Placenta		0.0061	0.0061	undef	undef
Prostata		0.0000	0.0000	undef	undef
Sinnesorgane		0.0251	0.0251	undef	undef
%Haueufigkeit		0.0251	0.0251	undef	undef
50	0.0251	0.0251	0.0251	undef	undef
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		0.0251	0.0251	undef	undef
%Haueufigkeit		0.0251	0.0251	undef	undef
Brust		0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock		0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock		0.0051	0.0051	undef	undef
Endokrines Gewebe		0.0000	0.0000	undef	undef
Foetal		0.0099	0.0099	undef	undef
Gastrointestinal		0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch		0.0000	0.0000	undef	undef
Haut-Muskel		0.0324	0.0324	undef	undef
Hoden		0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge		0.0328	0.0328	undef	undef
Nerven		0.0141	0.0141	undef	undef
Prostata		0.0000	0.0000	undef	undef
Sinnesorgane		0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus		0.0167	0.0167	undef	undef
65	0.0167	0.0167	0.0167	undef	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667	3.7502	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968	5.0816	
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997	2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493	4.0114	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661	1.1545	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0181				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				65
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	%Häufigkeit N/T		T/N
			%Häufigkeit	%Häufigkeit	
5	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0026	0.0113	0.0000	0.2268 4.4083
	Duendarm	0.0031	0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025 0.4343	1.1887 0.8413
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0100	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0229	0.0062	3.7198 0.2688	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241 0.6561	undef 0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef 0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef 0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983 5.0439	0.5983 1.6714
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.0000	0.6824 1.4654
	Penis	0.0090	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.0000	0.0000
25	Uterus Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef 0.0000
	Uterus Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Uterus allgemein	0.0051	0.0954	0.0534 18.7357	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
30	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Stinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Weisse Blutkörperchen	0.0061	0.0000	0.0000	0.0000
	Zervix	0.0106	0.0000	0.0000	0.0000
35	Entwicklung	0.0557	0.0083	0.0188	0.0039
	Gastrointestinal	0.0083	0.0188	0.0039	0.0000
	Gehirn	0.0188	0.0039	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0142	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0142	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0254	0.0062	0.0000
45	Nebenniere	0.0254	0.0062	0.0000	0.0000
	Niere	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0251	0.0000	0.0000
	Stinnesorgane	0.0251	0.0000	0.0000	0.0000
50	%Häufigkeit				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0068	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0051	0.0245	0.0175
55	Endokrines Gewebe	0.0245	0.0175	0.0000	0.0114
	Haematopoetisch	0.0114	0.0389	0.0000	0.0164
60	Hoden	0.0000	0.0164	0.0251	0.0000
	Lunge	0.0164	0.0251	0.0000	0.0310
	Nerven	0.0251	0.0000	0.0000	0.0208
65	Prostata	0.0000	0.0310	0.0000	0.0000
	Stinnesorgane	0.0310	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus	0.0208	0.0000	0.0000	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0166	0.0132	1.2638	0.7912	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0247				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

5	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.9074	1.1021	undef	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
---	-------	--------	--------	--------	-------	--------	--------	--------	-------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------	--------

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245	
Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	20
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	25
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0213				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointental	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0408				60
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				
Gastrointestinal	0.0122				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

5	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0030				
	Samenblase	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	Zervix	0.0000				
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256	
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0030				
	Samenblase	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	Zervix	0.0000				
35	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0039				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0260				
	Herz-Blutgefasse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Placenta	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45						
	Prostata	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Placenta	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Nebenniere	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Herz-Blutgefasse	0.0000				
	Hepatisch	0.0260				
	Haut	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0039				
	Gehirn	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Entwicklung	0.0000				
	%Haeufigkeit					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204				
	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0070				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0030				
	Prostata	0.0137				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0083				
60						
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0030				
	Prostata	0.0137				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0083				
65						

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
				T/N	
				T/N	
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
10	Gehirn	0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
20	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
45	Placenta	0.1030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haueufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0208			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0259				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

5	Blase	0.0312	0.0077	4.0678	0.2458	10.2079	0.0980
	Brust	0.0192	0.0019				
	Duendarm	0.0061	0.0000				
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146		
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042		
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048		
	Gehirn	0.0118	0.0164	0.7200	1.3890		
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230		
	Haut	0.0184	0.0000				
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000			
15	Hertz	0.0191	0.0275	0.6939	1.4412		
	Hoden	0.0000	0.0000				
	Lunge	0.0239	0.0102	2.3370	0.4279		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000			
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693		
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813		
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428		
	Penis	0.0120	0.0000				
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769		
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000				
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000			
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000				
	Brust-Hyperplasie	0.0320					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
	Zervix	0.0319					
FOETUS							
35	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0167					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Hertz-Blutgefasse	0.0213					
	Lunge	0.0181					
	Nebenniere	0.0507					
45	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.2762					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
50	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0203					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0198					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0171					
60	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0161					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0208					

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse		N/T		T/N	
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	0.6805	1.4694	0.3707	2.6973
	Brust	0.0038	0.0056	0.5756	1.7372	0.1698	5.8889	undef	0.0000
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.0100	0.0000	0.2160	4.6299	0.0000	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.0000	0.0000	0.0353	28.3379	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0061	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
30	Samenblase	0.0000	0.0118	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0118	0.0095	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Weissee_Blutkoerperchen	0.0095	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN								
	%Haueufigkeit								
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0759	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0164	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0274	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0083	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530	5
Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	10
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaessee	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0242				
Prostata	0.0748				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0816				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0042				65

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	N/T		T/N
			Haueftigkeit	Haueftigkeit	
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0089	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0235	0.0000	undef	undef
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0532	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0417	0.0056	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0039	0.0000	undef	undef
40	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefasse	0.0213	0.0072	0.0000	undef
	Lunge	0.0072	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Niere	0.0124	0.0121	0.0249	0.0000
	Prostata	0.0249	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	Haueftigkeit				
	Brust	0.0204	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0064	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Haut-Muskel	0.0162	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0080	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0125	0.0000	undef	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0340				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

NORMAL TUMOR Verhältnisse
 Blase 0.0156 0.0000
 Brust 0.0013 0.0000
 Duendarm 0.0000 0.0000
 Eierstock 0.0000 0.0000
 Endokrines_Gewebe 0.0000 0.0000
 Gastrointestinal 0.0000 0.0000
 Gehirn 0.0000 0.0021
 Haematopoetisch 0.0000 0.0000
 Haut 0.0000 0.0000
 Hepatisch 0.0000 0.0000
 Herz 0.0021 0.0137
 Hoden 0.0000 0.0000
 Lunge 0.0010 0.0000
 Magen-Speiserohre 0.0000 0.0000
 Muskel-Skelett 0.0000 0.0000
 Niere 0.0027 0.0068
 Pankreas 0.0000 0.0000
 Penis 0.0030 0.0000
 Prostata 0.0000 0.0021
 Uterus_Endometrium 0.0000 0.0000
 Uterus_Myometrium 0.0000 0.0000
 Uterus_allgemein 0.0000 0.0000
 Brust-Hyperplasie 0.0032 0.0000
 Prostata-Hyperplasie 0.0000 0.0000
 Samenblase 0.0000 0.0000
 Sinnesorgane 0.0118 0.0043
 Zervix 0.0000 0.0000

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

FOETUS
 %Haueufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0028
 Gehirn 0.0000
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000
 Herz-Blutgefasse 0.0000
 Lunge 0.0000
 Nebenniere 0.0000
 Niere 0.0000
 Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haueufigkeit

Brust 0.0000
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.0000
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0017
 Gastrointestinal 0.0122
 Haematopoetisch 0.0114
 Haut-Muskel 0.0065
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0082
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0667				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0140				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%Häufigkeit		%Häufigkeit N/T	
				T/N	
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0089	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse Blutkörperchen	0.0017	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefäesse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0051	0.0000	undef	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Foetal	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	0.0000
65	Uterus	0.0000	0.0000	undef	0.0000

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785	20
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

NORMAL		TUMOR		Verhältnis	
	%Häufigkeit		%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0624	0.0204	3.0509	0.3278	
	Brust 0.0102	0.0000	undef	0.0000	
	Duendarm 0.0368	0.0165	2.2244	0.4496	
	Eierstock 0.0120	0.0026	4.6050	0.2172	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000	undef	
10	Gastrointestinal 0.0556	0.0000	0.0000	undef	
	Gehirn 0.0030	0.0041	0.7200	1.3890	
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000	
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch 0.0190	0.0065	2.9412	0.3400	
15	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge 0.0031	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0230	1.2605	0.7933	
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef	0.0000	
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	
	Penis 0.1258	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata 0.0479	0.0319	1.5013	0.6661	
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium 0.1067	0.0272	3.9279	0.2546	
	Uterus_allgemein 0.0509	0.0000	undef	0.0000	
25	Brust-Hyperplasie 0.0128	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata-Hyperplasie 0.0476	0.0000	undef	0.0000	
	Samenblase 0.0267	0.0000	undef	0.0000	
30	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Zervix 0.0213	0.0000	undef	0.0000	
35	Entwicklung 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	%Häufigkeit				
40	Gastrointestinal 0.0167	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch 0.0118	0.0000	undef	0.0000	
	Haut 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Herz-Blutgefäesse 0.0071	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Nebenniere 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Niere 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
45	Placenta 0.0000	0.0499	0.0000	0.0000	
	Prostata 0.0499	0.0000	undef	0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
50	Brust 0.0204	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock_n 0.1595	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Foetal 0.0082	0.0000	undef	0.0000	
	Gastrointestinal 0.0610	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	0.0000	undef	0.0000	
60	Hoden 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Nerven 0.0060	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata 0.0342	0.0000	undef	0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	undef	0.0000	
65	Uterus_n 0.0541	0.0000	undef	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Häufigkeit

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

NORMAL TUMOR Verhältnisse N/T T/N

5	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	0.6805	1.4694	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.0000	0.6805	1.4694	undef	0.0000
	Duodenum	0.0031	0.0000	0.0000	0.6805	1.4694	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	0.0000	1.1513	0.8686	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0150	0.0000	0.4528	2.2083	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.1440	6.9448	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.0000	0.1440	6.9448	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	0.4626	2.1618	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.0000	0.4626	2.1618	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.0000	0.6824	1.4654	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	0.0000	2.2445	0.4455	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0089	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse Blutkörperchen	0.0026	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000

FOETUS

%Haueufigkeit

Entwicklung

Gastrointestinal

Gehirn

Haematopoetisch

Haut

Hepatisch

Herz-Blutgefäesse

Lunge

Nebenniere

Niere

Placenta

Prostata

Sinnesorgane

35

40

45

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haueufigkeit

Brust

Eierstock_n

Eierstock_t

Endokrines Gewebe

Foetal

Gastrointestinal

Haematopoetisch

Haut-Muskel

Hoden

Lunge

Nerven

Prostata

Sinnesorgane

Uterus_n

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0819	0.0383	2.1356	0.4682	5
Brust	0.0473	0.0320	1.4811	0.6752	
Duennndarm	0.0460	0.0331	1.3903	0.7193	
Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190	0.8204	
Endokrines_Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576	1.3199	
Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984	0.1725	10
Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557	0.8653	
Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000	
Herz	0.0382	0.0825	0.4626	2.1618	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0384	0.0184	2.0886	0.4788	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416	0.4669	
Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808	20
Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986	2.0057	
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0610	0.0617	0.9883	1.0118	
Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2206				
Prostata-Hyperplasie	0.0773				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0737				
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestenstinal	0.0361				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				40
Herz-Blutgefaessee	0.0818				
Lunge	0.0325				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0432				
Placenta	0.0303				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0340				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0490				
Foetal	0.0233				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0285				
Haut-Muskel	0.0227				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0261				60
Prostata	0.1163				
Sinnesorgane	0.0929				
Uterus n	0.0416				65

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse		N/T	T/N
		Haefigkeit	Haefigkeit		
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0106	0.0000	undef	undef
35	Entwicklung	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefasse	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nebenniere	0.0254	0.0000	undef	undef
45	Niere	0.0062	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	Haefigkeit	Haefigkeit	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
55	Foetal	0.0006	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0070	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0273		0.0051		5.3391	0.1873	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059		0.0041		1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000	
Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000	
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	15
Lunge	0.0052		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000	20
Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0109		0.0085		1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0036						
Lunge	0.0036						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						
Placenta	0.0000						45
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0136						
Eierstock_n	0.1595						
Eierstock_t	0.0051						
Endokrines_Gewebe	0.0245						55
Foetal	0.0035						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0032						
Hoden	0.0077						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0030						
Prostata	0.0068						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0167						65

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

	NORMAL	%Haeufigkeit	TUMOR	Verhaeltnis N/T %	
5	Blaese	0.0195	Blase	7.6272	0.1311
	Brust	0.0013	Brust	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	Duenn darm	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	Eier stock	0.0026	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0017	Gastro intestinal	0.0050	0.3396
	Hoden	0.0000	Hoden	0.0000	2.9444
	Lunge	0.0010	Lunge	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	Magen-Spei sero hre	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0060	Mus kel- Ske lett	0.0060	undef
	Niere	0.0109	Nie re	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	Pan krea s	0.0000	undef
	Penis	0.0000	Pe nis	0.0000	undef
	Prostata	0.0087	Pros tata	0.0043	2.0473
	Schilddruse	0.0000	Schi ldr u se	0.0000	0.4885
	Uterus Endometrium	0.0000	uter us En do me tr ium	0.0000	undef
	Uterus Myometrium	0.0000	uter us Mio me tr ium	0.0068	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	uter us all ge mein	0.0068	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	Brust -Hy per plas ie	0.0000	undef
	Samenblase	0.0000	Sa men bla se	0.0000	undef
	Sinnesorgane	0.0000	Sin nes or ga ne	0.0000	undef
	Weisse Blutkoerperchen	0.0009	Weisse Blu t ko er pe r chen	0.0009	undef
30	Zervix	0.0000	Ze rv ix	0.0000	undef
FOETUS	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Cystitis	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebennieren	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Plazenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoeitisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0390		0.0051		7.6272	0.1311	5
Brust	0.0153		0.0150		1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0245		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0210		0.0078		2.6863	0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0170		0.0125		1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0153		0.0000		undef	0.0000	10
Gehirn	0.0126		0.0133		0.9415	1.0622	
Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef	
Herz	0.0127		0.0000		undef	0.0000	15
Hoden	0.0115		0.0117		0.9839	1.0163	
Lunge	0.0114		0.0143		0.7983	1.2526	
Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0307		0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510	
Niere	0.0326		0.0274		1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0033		0.0166		0.1994	5.0142	20
Penis	0.0629		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0109		0.0170		0.6398	1.5631	
Uterus_Endometrium	0.0203		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305		0.0068		4.4891	0.2228	
Uterus_allgemein	0.0255		0.0000		undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256						
Prostata-Hyperplasie	0.0208						
Samenblase	0.0178						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0191						30
Zervix	0.0106						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0111						
Gehirn	0.0063						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0036						
Lunge	0.0072						
Nebenniere	0.0254						
Niere	0.0062						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0126						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0051						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0076						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0057						
Haut-Muskel	0.0162						
Hoden	0.0077						60
Lunge	0.0082						
Nerven	0.0120						
Prostata	0.0205						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0749						65

NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Haueufigkeit N/T	T/N
5		Blase 0.0156	0.0000
		Brust 0.0051	0.0056
		Duendarm 0.0184	0.0000
		Eierstock 0.0060	0.0104
		Endokrines Gewebe 0.0085	0.0075
10		Gastrointestinal 0.0096	0.0000
		Gehirn 0.0059	0.0154
		Haematopoetisch 0.0080	0.0000
		Haut 0.0073	0.0000
		Hepatisch 0.0095	0.0129
15		Herz 0.0201	0.0137
		Hoden 0.0058	0.0000
		Lunge 0.0145	0.0164
		Magen-Speiserohre 0.0000	0.0230
		Muskel-Skelett 0.0017	0.0300
20		Niere 0.0217	0.0068
		Pankreas 0.0050	0.0000
		Penis 0.0210	0.0000
		Prostata 0.0065	0.0021
		Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000
25		Uterus_Myometrium 0.0457	0.0204
		Uterus_allgemein 0.0153	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0096	0.0000
		Prostata-Hyperplasie 0.0000	0.0000
		Samenblase 0.0000	0.0000
		Sinnesorgane 0.0470	0.0000
30		Weisse Blutkoerperchen 0.0121	0.0000
		Zervix 0.0213	0.0000
35	FOETUS	Entwicklung 0.0139	
	%Haueufigkeit	Gastrointestinal 0.0056	
		Gehirn 0.0000	
		Haematopoetisch 0.0157	
		Haut 0.0000	
		Hepatisch 0.0000	
		Herz-Blutgefuesse 0.0213	
		Lunge 0.0217	
		Nebenniere 0.0254	
		Niere 0.0185	
45		Placenta 0.0121	
		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0000	
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	%Haueufigkeit	
		Brust 0.0068	
		Eierstock_n 0.0000	
		Eierstock_t 0.0101	
		Endokrines Gewebe 0.0000	
		Foetal 0.0210	
		Gastrointestinal 0.0122	
		Haematopoetisch 0.0057	
		Haut-Muskel 0.0259	
		Hoden 0.0000	
		Lunge 0.0000	
		Nerven 0.0020	
		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0387	
		Uterus_n 0.0000	
55		Eierstock_n 0.0000	
		Eierstock_t 0.0101	
		Endokrines Gewebe 0.0000	
		Foetal 0.0210	
		Gastrointestinal 0.0122	
		Haematopoetisch 0.0057	
		Haut-Muskel 0.0259	
		Hoden 0.0000	
		Lunge 0.0000	
		Nerven 0.0020	
		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0387	
		Uterus_n 0.0000	
60		Hoden 0.0000	
		Lunge 0.0000	
		Nerven 0.0020	
		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0387	
		Uterus_n 0.0000	
65		Eierstock_n 0.0000	
		Eierstock_t 0.0101	
		Endokrines Gewebe 0.0000	
		Foetal 0.0210	
		Gastrointestinal 0.0122	
		Haematopoetisch 0.0057	
		Haut-Muskel 0.0259	
		Hoden 0.0000	
		Lunge 0.0000	
		Nerven 0.0020	
		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0387	
		Uterus_n 0.0000	

DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	15
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statists, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt. Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologe Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verälgierung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verälgierung der Partial-Sequenz

Die automatische Verälgierung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmälgigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, quenzen C_1 (Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verälgierung mehr möglich ist (while $C_1 > C_{I-1}$; Abbruchkriterium II). Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann. Analog der oben beschriebenen Beispiele können die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasenormalgewebe gefunden werden.

Ferner können zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORFs) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit / Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.65	H.sapiens rap1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hZF (EZF) Homolog	235	1187	
3	99.42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99.98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97.54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99.93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99.85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1964	
8	99.61	Homo Sapiens angiotensin II receptor	233	1702	
9	99.2	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)	230	2067	
10	96.57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96.09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98.99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99.77	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	210	1673	
14	99.85	Human LIM domain protein CLP-36	247	1593	
15	99.98	Human TRPM-2	124	572	
16	99.74	Human calmodulin-I (CALM1)	210	2520	
17	99.2	H.sapiens dermatopontin mRNA	216	1722	
18	96.56	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGMRP)	226	1648	
19	96.3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95.44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99.03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97.54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99.99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99.06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99.61	unbekannt	217	217	
26	100	S.pombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99.94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98.21	unbekannt	245	2927	
30	99.85	unbekannt	233	743	
31	99.61	unbekannt	253	1667	
32	98.22	unbekannt	249	249	
33	99.03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97.54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
35	97,54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99,03	Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2)	140	314	
37	97,54	G.gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96,57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99,03	C.sativus mRNA for lipoygenase	186	294	
40	97,54	P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98,22	unbekannt	179	179	
42	97,54	unbekannt	238	238	
43	97,54	Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3)	307	934	
44	99,03	unbekannt	220	231	
45	99,99	unbekannt	217	669	
46	97,54	unbekannt	208	240	
47	99,85	unbekannt	228	228	
48	99,85	unbekannt	229	1229	
49	97,54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97,54	unbekannt	223	231	
51	97,54	Human (c-myc) Homolog	221	1340	
52	99,94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99,03	unbekannt	234	611	
54	99,03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hnr.1)	204	689	
55	99,61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4)	270	560	
		Homolog			
56	97,54	unbekannt	149	851	
57	97,54	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
58	98,22	unbekannt	218	268	
59	99,85	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
60	97,54	unbekannt	219	1389	
61	97,54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
62	97,54	unbekannt	205	681	
63	99,06	Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780	244	1116	
64	97,54	unbekannt	226	226	
65	99,03	Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98,22	unbekannt	241	241	
67	99,99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
68	99.03	Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron	139	151	
69	100	unbekannt	226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A.vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZE (Zle)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog	168	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CIT987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	221	223	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CIT987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Hei	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs- EST in Basen	Länge der angemeleiten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	
1.54	Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3568	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
1.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
1.54	unbekannt	125	1303	
1.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
1.54	unbekannt	211	1377	
1.54	unbekannt	223	315	
1.21	unbekannt	219	2355	
1.54	unbekannt	245	1339	
1.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
1.54	unbekannt	220	300	
1.03	unbekannt	210	1465	
1.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
1.54	unbekannt	231	783	
1.65	unbekannt	212	1045	
1.54	unbekannt	225	1366	
1.65	unbekannt	151	1747	
1.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
1.09	unbekannt	210	1205	
1.94	unbekannt	209	3968	
1.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
1.54	unbekannt	297	1068	
1.39	unbekannt	303	4584	
1.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
1.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	253	742	
1.35	unbekannt	310	2330	
1.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
1.09	B. taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
1.74	unbekannt	303	1932	
1.54	Thermomonospora curvata protein kinase Pkwa (pkwa)	281	3024	
1.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

TABELLE II

DNA-Sequenzen S q. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	
	133	15
26	134	
	135	
	136	20
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	40
31	149	
	150	
	151	
	152	45
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60
		65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	5	10	15	20	25	30	35	40	45	50	55	60	65
35	162													
	163													
	164													
	165													
	166													
	167													
	168													
	169													
	170													
	171													
40	172													
	173													
	174													
41	175													
	176													
	177													
42	178													
	179													
	180													
43	181													
44	182													
	183													
	184													
45	185													
	186													
	187													
46	188													
	189													
	190													
47	191													
	192													
	193													
48	194													
	195													
	196													
49	197													

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	
	201	10
	202	
51	203	
	204	15
	205	
52	206	
	207	20
	208	
53	209	
54	210	25
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	
	222	
	223	45
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	60
65	233	

65

DNA-Sequenzen		Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's)	
	66	234		234
		235		235
		236		236
10				237
	67	237		238
		238		239
15	68	240		240
		241		241
		242		242
20	69	243		243
		244		244
	70	245		245
25		246		246
		247		247
30	71	248		248
		249		249
		250		250
35	72	251		251
		252		252
		253		253
40	73	254		254
		255		255
		256		256
45	74	257		257
		258		258
		259		259
50	75	260		260
	76	261		261
		262		262
		263		263
55	77	264		264
	78	265		265
		266		266
60	79	267		267
	80	268		268
65		269		269

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
80	270	5
81	271	
	272	
	273	10
82	274	
	275	
	276	15
83	277	
	278	
	279	20
84	280	
	281	
	282	25
85	283	
	284	
	285	30
86	286	
	287	
	288	35
87	289	
	290	
	291	40
88	292	
	293	
	294	45
89	295	
	296	
	297	
90	298	50
	299	
	300	
91	301	55
	302	
	303	
92	304	60
93	305	

65

DNA-Sequenzen		Seq. ID. No.
Peptid-Sequenzen (ORF's)		Seq. ID. No.
		306
	94	307
	95	308
		309
		310
	96	311
		312
	97	313
		314
		315
	98	316
		317
		318
	99	319
	100	320
		321
	101	322
	102	323
		324
		325
	103	326
		327
		328
	104	329
		330
		331
	105	332
		333
	106	334
		335
		336
	107	337
		338
		339
	108	340
		341

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	..
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	
115	358	30
	359	
	360	
116	361	35
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

65

DNA-Sequenzen		Seq. ID. No.
Pepitid-Sequenzen (ORF's)		Seq. ID. No.
	122	378
	123	379
		380
		381
	124	382
		383
		384
	125	385
		386
		387
	126	388
	127	389
		390

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(iii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cggtgaagta gatgcacaac agtgtatgct tgaaatcttg gatactgcag gaacggagca 60
 atttacagca atgaggggatt tatcatgaa aaatggacaa ggatttgcag tagtttattc 120
 catcacagca cagtccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcogagt 180
 taaagacact gatgatgttc caatgattct tgttggtaat aagtgtgact tggaagatga 240
 aagagttgta gggaaggaac aaggtcaaaa tctagcaaga caatggaaca actgtgcatt 300
 ctagaatct tctgcaaaat caaaaataaa tgttaatgag atcttttatg acctagtgcg 360
 gcaaattaac agaaaaactc cagtgcctgg gaaggctcgc aaaaagtcag catgtcagct 420
 gctttaatat actaaatgca ttgtagctct gagccaggtc tgaagaactg ttgccaatt 480
 caacagtgcc agcattccaa ctttgttaaa cctaccaaca tcttaaatgg actttcctgt 540
 ggtggtaccc tttaagaggc ggatgaaagc tactatatca gtttgacat tctaactact 600
 ttccagtatc acaagagaga tttttactta tataatagtc ctagagtttg cagctggtaa 660
 aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacattc ttcattccacc aatgttgtag 720
 atgtatgaaa atggtgtact gtatacttta acatgcccc tactttgtat tggagagtac 780
 aataatgtaa atcctaaaag caccactatt tttagcataa aaaagaaagt ccaaagagct 840
 cctatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgtagctta ttgtaatttt 900
 ttttaagaaa ttcaagggtc ttattattgt acaaaaataag cgctttgatt aacacagcta 960
 tatagttttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacgggt atcttgcctt taaaacatga 1020
 tagtcctttc agtataatgt cttagattaa agacgttgcc tttaatatct gttgggaagg 1080
 aaatgtccag acttttcaaa tctcttatta tatgtttcct ttttttggtt acatagggaal 1140
 caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggg tctacaacaa gaagtgtata ttttcaacaa 1200
 attttttaat gatttaacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgtagattc 1260
 tcaactgtgaa tcccttgctt gctcatgcat aagtgtattt gcaataccaa atatacaggt 1320
 ttagtatttt tgcctgttag tgattgttcc acatgtgtaa cgttttggtt gagatgttaa 1380
 atggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaagtaat tttaatcata tgaatttgtt 1440
 cacaaggcct aatttgcagt aactattgct gttttattta acaatgcctt gttgctttgt 1500
 atgcattaat gtttggtatg aaagattgtg tgtctatcca acaggagacc acagtattta 1560
 aattgaccaa cctaattgta caactacttt gaggtggcca aatgtaaaact aaaagcctta 1620
 attaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtagt tcaataaatt tggattgccal 1680
 tgcaagggct tgcattataa aaaaaacaa aaaaaaaaaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

5	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	
20	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2	
30	cgagcccgagc aggcgtgcaca cgaactcccc ctagggcggc actccccagc aggaactacc 60 ctccccctgg tctctgagagaa gtgcctgagaca gcaaggagactg tcaaccttgcc ctagccgcttc 180 agccgcgaagt cccgcgcctc cattaccagag agctcatgcc acccggtccc tgcattgccaag 300 aggaagcccaa gccaagaagg ggaagagcgt cgtggccccc gaaaaaggacc gccacccca 360 cttgtatca cgcgggcctgc ggcataaacct acacaagaag ttcccatctc aaggcacacc 420 tggaacccca cacaagtgtag aaaccttacc actgtgactg ggaacggtctgt ggaatgggaaat 480 tcgccccctc agatgaaactg accagggcac accgtlaaca cagggggcac cgcccgctcc 540 agtgccaaaa atgcgaccga gcatcttcca ggtcggacca cctcgcccta cacatgaga 600 ggcattttta aatcccgacc agtggatag acccaactg ccagaagaga attcaagtat 660 tttacttttt cacactgtct tccggatgag ggaaggacc cagccagaaa gcaactcaat 720 catgtcaag ttcccaactg agtcatcttg tgaagtggata atcagyaaaa atgaggaatc 780 caaatcaaaaga acaagatgggg tctgtgactg gatcttccat catccaat 840 ctaaatccga cttgaatat cctggacta caaatgcca aggggtgac tggaaattgt 900 ggatcacag gtataaatat taccgtgag ttgggggag gaagaccaga attccctga 960 atgtgtat gatgcaatat aagcaataaa gatcaccttg tatctcttt acctctaaa 1020 agccattat atgatgtag aagaagagga aaaaatcag gtacaagaaa ccatgttta 1080 atagccatat gatgtgttt gtgagcttgg tcctaaggt cccaacaag gagccaaa 1140 tttaaacctc tggatccttg gcaaggggaa atcgtgtgtt ttctccg 1187	45 40 35 30
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:	
55	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
60	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
65	(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN	

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

gcgaaccgcg cgcctgcccg gtccctgcct gccacgcggg aggggctgga ccccgcggtc 60
ctcctccctg ccggtcccca tccttaaagc gagagtctgg acgccccgcc tgtgggagag 120
agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg ggcaggccgt gccggctgag gaggtcctga 180
ggctacagag ctgccgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240
ggctgtgag ggaggcccc gggcgccatt gctggcggtg ggagcgccgc ccggtctcag 300
ccgcgccctg gctgctctcc tcctccggct gggagggggc gtagctcggg gccgtcgcca 360
gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggccggcg tccgcagct cagtccatcg 420
cccttgccgg gcagccggg cagagaccat gtttgacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
cctcgatgtg ctctgcgtgt tgctggctgg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
taccctctc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtcc atcaagtacc cttacaaaga 600
agacaccata ccttatgcgt tattaggtgg aataatcatt ccatcagta ttatcgttat 660
tattcttga gaaacctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cctttatcag 720
gaataactac atagccacta ttacaaagc cattggaacc tttttatttg gtgcagctgc 780
tagtcagtc ctgactgaca ttgccaagta ttcaataggc agactgcggc ctacttctt 840
ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900
catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaa1020
gggagactgg gcaagactct tacgcccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080
ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaal200
agaaagaact tcttttaaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcatgaaac1260
accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccagcct tgaaaggcag cagggtgcccl320
agggtgaagct ggcctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcattc1380
tttcttcctg ggtgtacaag ccctttttaa gacctctgc tggctgcgat gcctcttgga1440
atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 45

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

gacacatttc cgggttttg cgggccccgc gatgttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
agagagagcga caacgtgaaat atgcccccttg ccggggcgctc caccggagtc ctgccagctg120
tcgggcgcctg ggggtggacgt cgtgattatg aagctccca tcacactatc tgaagtactg180
acttcagcag actgacacct acagcatcag gtacacagct tcctcctagca tgaactcga240
ctgatcagca aacaagaaaa ttgtctccc gtatctcttg ggcgtgttca ccaccta300
ccacagagct gtcabtgctg ccactctctac ttcactccct gtaattcac agccccagt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcctcta caagagctc atgaccttc t 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

aaatcccat gatagrtataa ctttgcataa gccaactgaa tgataaggaa gtttttagt 60
tctatacaaa gaaagagaaat aagtggtttt ttlttttcag tttaacattg acatttttat 120
taacggcaaac tgttttttaa ttatlttttt aaaaacaatag cacaaaaaatg ttccaaggaa 180
gacatctcac aatactgaa ccttctgaaat taccgttaag ccacaccaaa tatgaaattc 240
tgttaataac acaaaatatt tttttaagaa tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaagtagg 300
gggaattgaga tttagattta aaactcatig gattaataag gtgagtgctta ttagtagat 360
atactgttctga agcaaacacagtg ggcatacaca ggcatacagt ctttggtttt taaacagatt 420
accaataatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcaagc ataaaatgaa 480
ccggagagaa ccaagtgtga tactgttgtg aagaggttca agagctgctc ttccaagaca 540
ctaagaccat ttttaagcaga ataacctcct cagaaaagcc tggcctgaaag tcacttttat 600
tctattgtct caccatata aattcaggg ttctataag tcacttttaaa aagaataaaa 660
ataatgttata tcaagtcttc ttatttaag tggcctatga agatgtttcc ttatttatcc 720
tctactctca agaaaggacac cagggaattgg ggttgggggg tggaaactaaa gggagggaaa 780
aaacacagaa aggttaggtt ttgttttttt gctttttgtt ttcttttgcc caaagggtcg 840
gtcacacaga agggaaaggca aggaagaaaa ctaaacataa atcccttggt cagatttgagt 900
tatgcaaggaa tatctctccc tggatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaa gccaacttga 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc ctttttgttt taaccattcc1020

DE 198 18 620 A 1

```

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaaaccaatt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttccttt tggtaggtta taataacaga acatctgtcal140
ttaacagtag agtgtaaata acttttaacc actgacaagg ctccagaaag ttccacagtt1200
tcgttatgct ctattttatt actatcataa ttacattttt attttttatt tattttttgc1260
tgaattgctg attttccttt ttcaatagaa tttaattctg gagtgtgagc aggaaccagtl320
taactacatt cattgtccaa cccccactgg ttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggtattaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcatctcgct ttagccaggc agcattcagc agaataattt cacaacactg1560
ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaac caagaggctg agaacaact tccatttacc ctaaaaataa ataaatataa1740
tgtcgcaggc ccccaatata atagtagtag gggga

```

5

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 3181 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

45

```

cggttggtggg gggagcagg ggggacagt ccccggaac ccggtgggtc acacacacgc 60
actgcgcctg tcagtagtg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattcccg 120
tcccttccct ccatagccac gctccaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccattttaga tttaggaagg ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagc actgcacagg 240
aggagggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa agggggattg 300
ggcggaaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttgttggg gtggatctat 360
tggctgatct atgcctttca actagaaaat tctaagtatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttctttc tgtctgcttt aatggaaac agactcatac cacacttaca 480
attaaggtca agcccagaaa gtgataagt cagggaggaa aagtgaagt ccattatgta 540
atagtgacag caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtcttccgt 600
gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagtttc ggttccatag 660
agcccggggc atgatctgat cccaagaca tgtggagggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaccaca gtgagcctga gagagacggc gattttcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaaacacata gttaaaaaag aaacaaatga aaaaaatttt agaacagtcc 840
agcaaatgac tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaacttc 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acaccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg ctctgatccc1020
gtccgaggct gcttcccaga ggagcagctc tcccaggca tttgccaagg gaggcggatt1080
tccctggtag tgtagctgtg tggctttcct tctgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140

```

65

taacaccccc tagcagaacat cacagagctt tccgttttt ccttccgt faagaaacat1200
ttccctttgaa cttgatctgccc tatgatcttccg aaazgcccgc cgtccccc1260
gcaacttttta catatatcttg ttctcatcttc gcagatctgaa agttgacabg ggtgagggtgt1320
ccccatccag cgaagagatct tcaaaagacaa aacatctctg cagtctttcc caagtaccct1380
gaatatcttc ccaagccct tatgttttaac cagcgatgta tataagccag ttcaactaga1440
caactttaac cttcttgtcc aatgtacagc aagtaagtct aaaaaaaatg catatatctt1500
tctcccccag aatgcctatc cttaactctc tgcaaacatc tgagacatc tatgatctgt1560
cctctgggcc aatgcctata ccaagttagg atgcttgcaat gaggcctgtaa agtggccccc1620
tgcggcccca gcttgacccc gaggaaagga tgyttagatcc tgyttaaactc tgaagagatcc1680
agtaabgaaaa tcaagcatgcc cccctagatca cctagccggg agttabcccg ataaat1740
ctctcaacagt tagtgatcct gtccctttaa cacccttttt gtgggggtctc ctctgaacct1800
tcatcgtlaaa gtgctgggga ccttaagtaga ttgcctgta attttgatg attaaaaaat1860
gttatatat attaaatatc tagaaatat ctactctctc gtgtgcaaac tgaatatcag1920
agcaagtctc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagtctcg gtgtgcaaac tgaatatcag1980
gtgctcatca gtatctgctc attttgacaa agtgccctcat gcaacccggc cctctctctg2040
cggcagagatc cttagtgtaga ggtgtttacc ggaacatag tagttaccac agaatcagga2100
agaagcagtg actgtgctgt gcaqctctct aaatgggaat tctcaggtag gaagcaaacag2160
cttcagaaag agctcctaaat aaatgtgaaa tgytgaatccg agcctgtgggt tttaaccacc2220
tctgtccagg ccttgagatg cattagttac ttatatgaa gttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt ccaatcagaa atttcagaa caaaagggag gctctctga2340
gycacagagc tgcactaca cgaqcccttg ttctctcca caaagtatct aacaaaacaa2400
atgtgcagac tgatctggcc ggtcatctgt cctccagaga ggaagtctgc ctgtgatctc2460
ctaatatcag ctagggccaa ggttggtatc gtaagacttt acaatatca ttctggtaga2520
agtccttgga ggtccttggc agaacctcagt taaatccttg aagaaatatc gtagrtatc2580
taagaagatag ggtgtttaa atttttaaa tatccctggt2640
aacacttgcc tcttggtac tgtgggttag catcaagtc tcccccaggt agaatcaca2700
cagagctcca gtttggtatc gtaagttaa attcaagtaa tcccatctcc caaacctaa2760
atcgttttt ctcatacagc tctgagttaa tgytctgct gtcataaact catagatga2820
ggaagcctcag gtgatctgtc tgaagagagc accctagagc gctcgaggg aataacatac2880
tggccgtctc gaccgtgtgc cagcagatca gatgaaatcc ggtgaaatcc cgttccctc2940
tagtctctc cgtagtagc cctcttag atcccttag tgytctgctc tttaacctgc attttaccag3000
ctgtgaaaaa gttttacat ccaattcat tgytctgctc tttaacctgc attttaccag3060
atgtttttag gttatccgtc atgttaaaat ttaattcatc acgtgtcatc ttatatcca3120
tgcttttca gccatgac aatatcact tgactaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1964 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

```

gcaacatgtc tgcaccaac attggcattc ctcacacgca gagattgcaa gggcaaatgc 60
cagtgaaggg gcacatttcc atccgctcca agtctgcgcc actgccctct gcggctgctc 120
accagcagca gctgtatggc cgtagcccat cggcagttgc catgcaggct ggccctcgcg 180
cactggctgt tcagcgtggc atgaacatgg gggttaatct gatgcctact cccgcctata 240
atgtcaattc catgaatatg aacaccttga atgccatgaa cagctatcga atgacacagc 300
ccatgatgaa cagcagttac catagtaacc ctgcctacat gaaccagaca gcacagtatc 360
ctatgcagat gcagatggga atgatgggga gccaggccta taccagcag cctatgcagc 420
ctaaccctca tgggaacatg atgtacacag gcccctccca tcacagctac atgaacgctg 480
ctggcgtgcc caagcagtca ctcaacggac cttacatgag aagatgagca agatgaactt 540
gcaatcaaaa acttaaatat atataaataa aggaaccttt tatactgaca aaccagagaa 600
aaatggacct ttttcagtt aaaatattgc tgtagattta gaggaatttt tctttggttt 660
attttatttt tttagaaaacc tgcatttctc tttttttggg ttcatattgt tctgggtttt 720
ggttttcttc acaatcttga acattttaca gtagaactca tctaaaaatg gatttgggga 780
tggggaaaca tgcacaaaat cttttcataa ttaaaaagag ccttactttc tttacatacc 840
acatggacag aatttgtgta aaagtgaatt atctttattt taaaatgtat gtttcccttc 900
actgtttgca gtcoccaatg ttgtcatttt taaatgttat atacatctca aggtttaacc 960
agaccctttc ctccaaaccg aacctttcat ttctacttc attccagcag gaggcactta1020
ggggagactc ggtgggggac atggagaaca acccaagctc cttaaaactat taaagtggag1080
caggaataatg cttctccttt taaaatcccc tccactcctc acacacacac acctcttga1140
acccttcccc aagaatgttt ctttatagac ggacttcatt gaaatctttg ttgttcttga1200
atcaagtgtg atataatttt tttcttcttt tttaaaatat tccactcag cactcagaga1260
cacaaaaata ctgtaagtct caattaacag cagaatctca gagaaaagct gtttgcaatc1320
caaatccagc ctttggagga atagagatgg tcaattaaca atcaaaaaga ggagattaac1380
ctcttgtttt ttaccacct ggtgaatcag ccataacgca cacacacgcc acccagcctc1440
ttgtttctag tatgtacttt gaaatgctaa ctgaggggtc tgatgcttga gcctttgact1500
gataaaactc aaatagcagt cccagtgat ttgcctctta ggttctttct taaattggtt1560
gtggatgact gtacatttta gtgatttgaa aaataactga caaaccattg aaacagttta1620
ttttatgttg gaagagatgg cgcagatgtg tgtcagaagg gagatcacgg tgtgagtttc1680
gtagctattt aagtgatata tacctctagt ttttgtatgt cttttgagat cctgagttca1740
tcccctgtga atcagagtgc acaagcacct ctctgtgag tggctaata gaagagggac1800
agaccgacca ccagcacagt agggcagatc tggacagcag aatgttataa cgcaagttca1860
tgtgttgctc ccaactccat tctcttttct ctctgtcaac cagtttgccc attctcttcc1920
tattacttgc tccagggata ggtaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1964

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

ggaacccca ggtatgttga cgaagcagtc ctgtcacgcc tcttcctatt tgttgccctg 60
gtgatcctatg tctgtgcctc gattgacctaa tgcctggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120
gctcctggagc ggttgaacgtgc caaccccaac cctgggtgtt ggcttccctg gctaatctga 180
ctcctgggat cagtggagac agttaaaccat caagagctc tgttctctca tcagagcttt 240
ggaactcagag accagtgtgc gatgaacccc gaatatcgcc accgctgtaa acaactcata 300
acctcagggc ttggcattga gtcattctcc atgggtgaca ccattgaaatc ttgtttcagc 360
cagttctgca ggtcctgact ctgcagagag aagagggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420
ataattcac ctgagttaa tatcacagaa acaagggat gcaaccaatg gtaattcttg 480
aaattttcat gttcttcaat accccttgggt aagtttgttc tgaagcccat ggtgggctcc 540
cagatagaga gttccccc ttcaaatccca agtccgctc tgaagcccat ggtgggctcc 600
cactccccc ctctctctc tgttagagat caagaaatg ctgtcccata aaatacata 660
ttgcctagc taagagctggg gttcaacttc gaattcca gaagacctcaaa gattccttat 720
tgctcttgag ctgtgtcag tctctttggc ctcaagaaac aacttgatg acttccctgt 780
tctctggcat aaattatcc tgyttagaca tgytgcctaa ctcaaggtt tcccatcagc 840
tttccccc ttctccctc caatctgctc tctcctgccc agaacataca gccgagata 900
ctgcagagc tagaactgac tactgtgcat tagaagaac ctgaggtcag gactttgtg 960
ggatttgag ctccgagaga gtaataactg aaacagcagc cctgtcccc aggcctgcaga 1020
agcttgatg catcctctcc cagaaacctgc caagggaaa c tggggggtctt gtcaggtcag 1080
cccaactgca tgcataacct caccatctcc agaaagcaga ttgtcttta tgaagagcga 1140
agaaagggg aaaaaccat gtagacccctga ttgtgtatg gcttgataga gttccctga 1200
aaacctctga atgtgtgcta aaaccagggg agcatgtgac tgcacaagcag gcaacccctg 1260
atgatctgta aagcaggtg gcaaggccct gggagcccc agcaaatga tatgtgtg 1320
tcttccctc tgttgaaatc aggggaaatc atcttccca ataactgat ttgattttca 1380
gtttcataag ctctctctc tgaatcttat tgaaggacta tggtaaccaag caggtagga 1440
tgttcaacct gttgaaacagt tctgtcctg cctcttagc ttcatccag aatccagc 1500
tcttctgga gaccccaag ctggagggag atggccttc cctcgggccc ctcttctac 1560
tttggccatc acaactgtcc tggctaaacc tggctaaacc caaacaatgg gttagggagg 1620
cccatcaat tggcctttt tctcaatta tggacgtgca ttgtttgtg tgggaaacaa 1680
agttttgga gggagagagt gg

1702

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

gcccgcaggct	cccgggtgttc	ccatttcgag	aggagctcct	ggctgctatt	gcaaatcacc	60	
aagtcctcat	cattgaaggc	gagacagggt	caggggaagac	caccagatc	ccgcagtatc	120	5
tctttgagga	gggttatata	aacaagggtg	tgaagattgc	ctgcacccaa	ccccggagag	180	
tggtgccat	gagtgtggcc	gcccaggtgg	cccgggagat	gggtgtgaag	cttgggaatg	240	
aggttggcta	cagcatccgc	tttgaggact	gcacatcaga	gcgaactgtc	ctccgctaca	300	
tgacagatgg	gatgcttctc	cgggagttcc	tctctgagcc	tgacctggcg	agttacagcg	360	10
tggatgatgt	ggatgaggca	cacgaaagga	ccctacacac	agacattctc	tttggattga	420	
tcaaggatgt	tgctcgcttc	cgacctgagc	tcaaggtcct	ggtggcttca	gccacaatgg	480	
acactgcccc	tttttccacc	ttctttgatg	acgcccctgt	gtttcgaatc	cccggacgca	540	
ggtttcctgt	ggacatcttc	tacaccaagg	ctccagaggc	tgactacttg	gaagcttgtg	600	
tagtatctgt	gttgcatatc	catgtgacct	agccccctgg	ggatattcctg	gtgttctctga	660	15
caggacagga	ggagattgag	gctgcctgtg	agatgctcca	ggatcgctgc	cgccgcctgg	720	
gtcccaaaat	ccgggagctc	ctggtgctgc	ccatttatgc	caatctgccc	tctgacatgc	780	
aggcccgtat	cttccagccc	acaccacctg	gggcacgaaa	ggtggttgtg	gcaacgaaca	840	
ttgctgagac	atcactcacc	attgagggca	tattttatgt	gctggatcca	gggttctgtg	900	
agcagaagag	ctacaacccc	cgcacaggca	tggaatcgct	cactgtcaca	ccctgcagca	960	20
aggcctcagc	caatcagcga	gctggcaggg	caggtcgggt	ggctgcaggg	aagtgttcc1020		
gcctgtatac	cgccctggcc	tatcagcacg	agcttgagga	aaccacagtg	cctgagatcc1080		
agaggaccag	cttgggcaat	gtcgtgttgc	tgtcaagag	cttagggatc	catgacctaa1140		
tgacttttga	tttctggac	cctccaccat	atgagacact	gctgctggct	ttggagcagc1200		
tgtatgctct	gggagccctc	aaccaccttg	gggagctcac	cacgtctggt	cgaaagatgg1260		25
cagagctgcc	ggtggacccc	atgctgtcca	aaatgatctt	agcctctgag	aagtacagct1320		
gttcagagga	gaccttgaca	gtggctgcca	tgtctctgtg	caacaactcc	atcttctacc1380		
gaccaaagga	caaggctcgt	catgctgaca	atgcccggtg	caacttcttt	ctccctggcg1440		
gtgaccacct	ggttctgcta	aatgtttaca	cacagtgggc	tgagagtggg	tactcttccc1500		
agtggtgcta	tgagaacttt	gtacagttca	gatcgatggg	ccgagcccgg	gatgtgcggg1560		30
aacagctgga	agggctcttg	gaacgtgtgg	aagttggtct	cagttcctgc	cagggggact1620		
atatccgtgt	acgcaaggcc	atcactgctg	gttactttta	ccacacggca	cggttgactc1680		
ggagtggcta	ccgcacagtg	aaacagcagc	agacagtctt	cattcatccc	aactcctccc1740		
tcctttgagca	acagccacgc	tggtgtctct	accacgaact	tgtcttgacc	accaaagagt1800		
tcatgagaca	ggtactggag	attgagagca	gttggcttct	ggaggtggct	ccccattatt1860		35
ataaggccaa	ggagctagaa	gatccccatg	ctaagaaaaa	gccccaaaaa	ataggcaaaa1920		
cacgagaaga	gctagggtaa	gagaaggacg	taaacagaac	ctgacaccag	ctccttttcc1980		
ttctatacat	tatttaatac	ctattaaata	aaattatttt	tggataaaag	cttgtgggaa2040		
catttgggat	ctagaaaaaa	aaaaaaa			2067		40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1302 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

tfgncccgatcc cggaaaccccg cgcgcacacgc gctcgcctcag agggagagaga aagtggcgag 60
 tctcgcgatcc cctgcctcagc cgcgcccaacc tttaactcag agatcatgac tcgccgaggat 120

09

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(c) ORGAN:

05

(!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(D) TOPOLOGIE: linear

35

[illegible]

gtggtggcga	ctggcgccga	ccaagcgat	ctggagagcg	gcggtctgt	gcatgagatt	180	
ttcacgtcgc	cgctcaacct	gctgctgctt	ggcctctgca	tcttcctgct	ctacaagatc	240	
gtgcgcgggg	accagccggc	ggccagcggc	gacaggacga	cgacgagccg	ccccctctgc	300	
cccgctctcaa	gcggcgcgac	ttcacccccg	ccgagctgcg	gcgcttcgac	ggcgctccagg	360	5
acccgcgcat	actcatggcc	atcaacggca	aggtgttcga	tgtgaccaa	ggccgcaaat	420	
tctacggggc	cgagggggcg	tatggggtct	ttgctggaag	agatgcatcc	aggggccttg	480	
ccacattttg	cctggataag	gaagcactga	aggatgagta	cgatgacctt	tctgacctca	540	
ctgctgcccc	gcaggagact	ctgagtgact	gggagtctca	gttcactttc	aagtatcatc	600	
acgtgggcaa	actgctgaag	gagggggagg	agcccactgt	gtactcagat	gaggaagaac	660	10
caaaagatga	gagtgcccg	aaaaatgatt	aaagcattca	gtggaagtat	atctattttt	720	
gtatttttgca	aaatcatttg	taacagtcca	ctctgtcttt	aaaacatagt	gattacaata	780	
tttagaaagt	tttgagcact	tgctataagt	tttttaatta	acatcactag	tgacactaat	840	
aaaattaact	tcttagaatg	catgatgtgt	ttgtgtgtca	caaatccaga	aagtgaactg	900	
cagtgtgtga	atacacatgt	taatactgtt	tttcttctat	ctgtagttag	tacaggatga	960	15
atthaaatgt	gtttttcctg	agagacaagg	aagacttggg	tatttcccaa	aacaggtaaa	1020	
aatcttaaat	gtgcaccaag	agcaaaagat	caacttttag	tcatgatgtt	ctgtaaaagac	1080	
aacaaatccc	tttttttttc	tcaattgact	taactgcatg	atttctgttt	tatctacctc	1140	
taaagcaaat	ctgcagtgtt	ccaaagactt	ttggtatgga	taagcactag	gccgctgtcc	1200	
cggtaaccaa	aatggaaatc	ttccaaaaca	ggaggctcag	gctggccaaa	aagg	1254	20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gccgcagccc	tcattctgcca	ccgcagctctg	gttgagagctg	ttgttttgta	tgtcagcga	60	
ggcccggaga	gaccggggag	agagctaggc	cgagtccacc	gcccagagtct	gctgcccag	120	
cccgcgttac	gcacaaagcc	gccgatcccc	ggcctggggt	gagcagagcg	accaccgccc	180	55
gggagcagcg	cggcgagacg	cacggtgctc	cctatgcccc	cgccccccca	ccgccccgc	240	
cgcggcagcc	gaagcgagc	gagagaacgc	gccaccgcgg	ggcccgggtg	cagctagcga	300	
ccctctcgcc	acctgcgcg	agcccaggtg	gagcagtga	cgccgagcgg	gagggcagcg	360	
agggcttctc	ggccccctc	ctgctgcccc	ggcccggccc	tcatggcgcc	catccgcaag	420	
aagctggtgg	tggtgggca	cggcgcgtgt	ggcaagacgt	gcctgctgat	cgtgttcagt	480	60
aaggacgagt	tccccgaggt	gtacgtgccc	accgtcttcg	agaactatgt	ggccgacatt	540	
gaggtggacg	gcaagcaggt	ggaggtggcg	ctgtgggaca	cgccggggcca	ggaggactac	600	
gaccgctcgc	gctgcgtctc	ctaccgcgac	accgacgtca	ttctcatgtg	cttctcggtg	660	
gacagcccg	actcgctgga	gaacatcccc	gagaagtggg	tccccgaggt	gaagcacttc	720	
tgtcccaatg	tgcccatcat	cctggtggcc	aacaaaaaag	acctgcgcag	gacgagcatg	780	65

840 tccgcacaga gctggccgc atgaagcag aaccgtgca cagtgatc cagtgatc cagtgatc 840
 900 tggccgtgcat caccagcc tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc 900
 960 tgcagatc caccagcc aagtgatc aagtgatc aagtgatc aagtgatc aagtgatc 960
 1020 aagtgatc caccagcc aagtgatc aagtgatc aagtgatc aagtgatc aagtgatc 1020
 1080 cggcagcgtc cccctcgtc gacagtgcc gacagtgcc gacagtgcc gacagtgcc gacagtgcc 1080
 1140 ccccaagga ccccaagga ccccaagga ccccaagga ccccaagga ccccaagga ccccaagga 1140
 1200 ggaacttgccg tggcagccg ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1200
 1260 cagaagccgt ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1260
 1320 cggcagcgtc cggcagcgtc cggcagcgtc cggcagcgtc cggcagcgtc cggcagcgtc cggcagcgtc 1320
 1380 tgcagatc ccccaagga tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc 1380
 1440 tgcagatc ccccaagga tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc 1440
 1500 tgcagatc ccccaagga tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc 1500
 1560 tgcagatc ccccaagga tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc tgcagatc 1560
 1620 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1620
 1680 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1680
 1740 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1740
 1800 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1800
 1860 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1860
 1920 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1920
 1980 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 1980
 2040 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2040
 2100 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2100
 2160 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2160
 2220 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2220
 2280 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2280
 2340 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2340
 2400 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2400
 2460 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2460
 2520 ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc ggcagtgcc 2520

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1673 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

60 acaatgcac atgtatgtat caaatgttg ggcctagata ttatggtata caaaaaacat 60
 120 taaatcatg tggcttgcaa gcaaaagcaa catcttgcc aatgttgca aattggccac 120
 180 aaccacaat tcaagaat ttttaaaag acaaaagcca gcttaacaag atttgaccaa 180

taaaacccct	cgagcccaca	gccttatcag	ctgggggtga	gggaagactg	gtctaggtgc	240
tgctcctgaa	cttggctctc	gagccatggc	ttcccataga	cactcaggtc	cctccagcta	300
caaggtgggc	accatggcgg	agaagtttga	ctgccactac	tgccaggatc	ccttgccagg	360
gaagaagtat	gtgcaaaaagg	atggccacca	ctgctgcctg	aaatgctttg	acaagttctg	420
tgccaacacc	tgtgtggaat	gccgcaagcc	catcgggtgcg	gactccaagg	aggtgcacta	480
taagaaccgc	ttctggcatg	acacctgctt	ccgctgtgcc	aagtgccttc	accccttggc	540
caatgagacc	tttgtggcca	aggacaacaa	gatcctgtgc	aacaagtgca	ccactcggga	600
ggactcccc	aagtgcgaag	ggtgcttcaa	ggccattgtg	gcaggagatc	aaaacgtgga	660
gtacaagggg	accgtctggc	acaaagactg	cttcacctgt	agtaactgca	agcaagtcac	720
cgggactgga	agcttcttcc	ctaaagggga	ggacttctac	tgctgacttt	gccatgagac	780
caagtttgcc	aagcattgcg	tgaagtgcaa	caaggccatc	acatctggag	gaatcactta	840
ccaggatcag	ccctggcatg	ccgattgctt	tgtgtgtgtt	acctgctcta	agaagctggc	900
tgggcagcgt	ttcaccgctg	tggaggacca	gtattactgc	gtggattgct	acaagaactt	960
tgtggccaag	aagtgtgctg	gatgcaagaa	ccccatcact	gggtttggta	aaggctccag	1020
tgtggtggc	tatgaaggac	aatcctggca	cgactactgc	ttccactgca	aaaaatgctc	1080
cgtgaatctg	gccaacaagc	gctttgtttt	ccaccaggag	caagtgtatt	gtcccgaactg	1140
tgccaataag	ctgtaaactg	acaggggctc	ctgtcctgta	aaatggcatt	tgaatctcgt	1200
tctttgtgtc	cttactttct	gccctatacc	atcaataggg	gaagagtggg	ccttcccttc	1260
tttaaagttc	tccttcctgc	ttttctccca	ttttacagta	ttactcaaat	aagggcacac	1320
agtgatcata	ttagcattta	gcaaaaagca	accctgcagc	aaagtgaatt	tctgtccggc	1380
tgcaatttaa	aaatgaaaac	ttaggtagat	tgactcttct	gcattgttct	catagagcag	1440
aaaagtgcta	atcatcttagc	cacttagtga	tgtaagcaag	aagcatagga	gataaaaccc	1500
ccactgagat	gcctctcatg	cctcagctgg	gacccaccgt	gtagacacac	gacatgcaag	1560
agttgcagcg	gctgctccaa	ctcactgctt	caccccgttt	ctgtggagcc	gggagaaggg	1620
accctactgg	accatggcat	ggggttaact	ttcctcatca	ggactctggc	cct	1673

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1593 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggccagga	cgccgcccgg	cgcgagtg	ctgcctgcg	cggggacact	cagagcccgg	60
tgggcgggag	gaaggcggca	tgccccagac	ggtgatctc	ccgggcccctg	cgccctgggg	120
cttcaggctc	tcagggggca	tagacttcaa	ccagcctttg	gtcatcacca	ggattacacc	180
aggaagcaag	gcggcactgc	caacctgtgt	cctggagatg	tcactctggc	tattgacggc	240
tttgggacag	agtcctatgc	tcattgctgat	gcgcaggaca	ggattaaagc	agcagctcac	300
cagctgtgtc	tcaaaattga	caggggagaa	actcacttat	gggtctccaca	agtatctgaa	360
gatgggaaag	cccatccttt	caaaatcaac	ttagaatcag	aaccacagga	attcaaacc	420

attgtgtacacg cgcacaacag aagggtccag ccttltgtg cagctccaaa cttgtatlgac 480
 aaaaagacaggt tagtgtagcgc ttccataaac tcgccaatc ygtctctatc aactagcaat 546
 atacaagatg cgtctccacgg acagctgcgg ygtctcatc ctagctcacc tcaaaaacggag 600
 cccacacgcct cgtgtccccc cgaagtccggag gttgtaccggat tgcctccaggat caatccggat 660
 gagccacacac agcctccggca gtccgggtccc tcagagtgat tccaggggaat gttggagcat 720
 ggcctctatg accgtccggc tggaaacggg agttgttagag ctccgggtgac gaaagtcccat 780
 ggcgtgtcag gcccgtggccag aggtatggccg cctcgttgaca aatgtgtggag tggcatagtt 840
 ggtgtcgtgg tgaaggcgcg ggtataglac cggcaccctg agtgcctcgt gttgtgccgac 900
 tgcacacctca acctcaagca aagggtctac ttctctatg aagggtgagct gttactgccgaa 960
 accacacacac gaggcccgac aaggcccccag aagggctatg accacgggtcac tctgtatccc1020
 aaggctctaa gtctgcagc cgtgcgcagc agcacggcac agcacgggtcac tctgtatccc1020
 gagaagacat tcatgtcctt ggcaggaag attgtgcaga ttgtccaatc caaatctaaa1140
 gtcaaggctt tagaccttta tccattgtt tatgtaggaa aaggaaatgg aggcataatgg1200
 ctgctatgtg aaaaaaacat accattagct atgttttgca actcctttg ggcctagcaa1260
 taatgatatt taagacaata attttttgta tgtcatatc cacaatttac atgtatat1320
 cagccatcaa accataaac atcaagatat ttgaaggact ctaaatgtct tccctgacal380
 agtgtattt gcaattgtg taaatagcaa ataacatct tgtattctaa cataatctgc1440
 agtgcctgt atgtgttta actatcacg tgcattgtag ggaagaatc cctgaatttc1500
 tttagtttg tatcaaaaac attatgccac tcgattgccac aaacataata aatcacataaa1560
 agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaa aaa 1593

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 572 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

catctcttgg gctgtagttca tgcaggtttg cagccaggcc caaagggtgt gttgtgcgcga 60
 gcaagagcgcct ataaatatcgg cgcctccccc tgcaccacaac gtcggcgtcggc caggagggagc120
 ggcggggggcac aggtgtgccgc tgcaccgagtc gttgcaaaagac tccaggaattg gaagcatgat180
 gaaagactctg ctgctgtttg ttgggtcctgtct gcttgaccctg gtaggtgtggc aggtcctctggg240
 ggaaccaagcg gtctcagaca atgagctcca ggaatatgtcc aatcaggggaa gtaagtacgt300
 caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg gttgaaacag ataaagactc tcatagaaa360
 aacaacgaa gagcgcacaag cactgctcag caacctagaa gaagccaaag aagaagaaa420
 ggtatgcccta aatgagacca ggggatcaga gacaagaagctg gagggtgtc480
 caatgtgacc gttgtgtggcc tctgtgggaga ttgtaaagctt cagaaagtgt540
 gaaagtgtcga aacgggtgtt cagaaagtgt ct

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2520 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

30

```

cgctcctcta cccaattttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtattt acaatttcca tagagttggt ccccatcag 120
agaggttggt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaaggcga cttcagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttggg gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggata cagacagcaa agaatttctg tctcctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaaa tctagtcact gcqaaaggag aaatatattt aggatataca ataaataatt 480
caaatgctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaattt acattcgttg 540
ttcaggaaga gattcccagt atgctgaggg gttcgtggta agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttaca gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaaata tgtacaatag ctcatcttca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgca tcaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaca aaactatgaa agggtttgcc aagtactcac 900
cagtttctta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttcctctc acaaaactcat1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctggtc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac1140
agtggattct gcctcaccto tgctcaaaac tggaaactcag cattccctgg agggggaggg1200
tgtaggggtt ctggttccca gacacgatcc tggccataca agaactcctg ttcaaaggta1260
gtcttttagg atacgctgca ggaccactaa gaggccaccc agcttctaaa gacttgaggg1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa ctactcaaa ccaggaacce tatctacca1500
gaagagaaac cccaaggtaa ccttaggcat tcctttcaga ttcaggtaat tacaaaaagc1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctcct ctaccaacca cccagcccaa ggaccagtag1620
cagaagcaca tgggcgatgt ctcccctcca ctgctctgac ccacccctct ggcagaaaat1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc1740
tataaatcag ccctgaatgc acccatttgg ctgccaagag cttctcactg ccttgctagc1800
agcctgccac tgttcctcctg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aacccaatc1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcac1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa aggggggtttt acagggacca1980

```

65

atctcaatgc aagaaccagt accagatgtc tgaattctgc ttacaggttt ataattagac2010
 acaaatcca ctccacactg gattttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
 tggggggaagaa aagagcaagt caagtccaact tgggaaaaaaa aaaaaaagga ggaaggagc22160
 aagtataatc ataaagtcaat agtcgcggaat caaagggtgac tggtaggtgc tttagggc2220
 gaagagactg gttcaaaa gtgactactg ctctaccac acacagcgaa gatataat2280
 cagacacact aatcatatgc tcttgcatgt ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
 cagcagcaaca atcgagaaca acccctaagt acatgcttga gagaagtgg gttttttt2400
 tcttaagag ctctactgcc tgaatagatc ataaaagt accataatc acctccccc2460
 ctcccccag tgaatatgca actagaccta catgttccat aatatggatg aagtcctcg2520

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

catgttttgc caaatccca ggcagcatgg acctcagctt tctctgggta cttctgccc 60
 taagtcaacat ggccttgggc cagtattggc attatggata cccataccag cagtatactg 120
 actcaagcgaa tgaatgggtgg gtgaatttga accgggcagg cttcagctac cagtgtccc 180
 aaggggcaggt gatattggcc gtgaaggaga tcttcaggcaa gaaaggaaagt tctgaacagac 240
 aatggaacta cgcctgcagt cccacacacac agagcctcgg ggaaccccacg gaagtgcctgg 300
 ggaaggagat caacaggcct ggcattggat ggtaccagac gtgtcccagc aatgggcctgg 360
 tggcagagat ccaagagccgc tacttcgagt cagtgcctga tgggagtgag cagttttact 420
 gttgtcgcta cagcaagagg tggccatatt cctgctggct aacacaagaa tactccaggtc 480
 acctatggta ggaatggac atgaattcct acaattatga ttactatata cgaaggagcaa 540
 caacacactt ctcgcatgtg gaaagggtatc gccagtggaat gttcatatga tggccggatga 600
 ctgaatatga agaatgtttt agattttggcca catatgttaa catataccaaat ctggggtgaaa 660
 ggaagggggc cgggtgctctt tcttctccc tgaagctggta actgcaatgc caacttccg 780
 ggcctttctg actagtatca cacttctaata aaaaatccca attaaaccat gttcttccat 840
 ttcaacatgt ttcataagcaa ctgctttata tgaattatga tggcttccct gcaacacaca 900
 tatcaagtgc gcatgtctac agcgggctt ctggaagcacc agctgcagcc tggctatactg 960
 tttttaactg agaatgaaat gcaagtctca gcatagtggag gggagagggca gaaactggagg 1020
 agaggttgcag tgaagggtct ctacagctaa ctcaagctca gctgtttga atgatatcgt 1080
 caaagcagcgt cttctgccc tgaaggacat ctccccact cctgtctcca catagc21140
 gcatgctctag caatcccaagt gcaagagctct ttgctcccaag agtgagagaga ctgggaggtg 1200
 aaatgggggaa atggaaagggt ttggaaagggt ttggaaagggt caaacgttag 1260
 aattagaaga caaacgttag catacc22cagt aagaaaaatg agtgcaagggg 1320
 ccgtgaggat cactctcaaa tgaagtattaa aacaagggaag cagagaaatgg tcagagaaatg 1380

DE 198 18 620 A 1

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaa1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctgggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
gagatggcgc tatctttcct cctcctgtga tgtcctgctc ccaaccattt gtactcttca1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1648 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60
tcagttcctc cagtgtgtg cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtgta gccctctcat agccatcgca 180
ctgaaaatat cccagattca tgagagaact ggccggaggg gacccactgt catcacctga 240
atagaggaaa gatpactcac cagggccaaa gagagtgtct agcgggagat gcttactga 300
tgccctcttg ctacctgttt gtgcctctta tgactttgga aaaacaaaag atattttgct 360
tttgggggat agagggtggg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgctc 420
tattcctcca aatgcagcag gccctttagt tgtctgttaa agctgcacta taatttggt 480
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
taatcacaac atttgtgcat cacttgtgcc aagttagaaa atgttctaaa atcacaagag 600
agaacagtgc cagaatgaaa ctgaccctaa gtcccagggt cccctgggca ggcagaagga 660
gacactccca gcatggagga ggttttatct ttctatccta ggtcaggtct acaatggggg 720
aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccaccacac ccgatggccc 780
tgccctcccc atcccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
ttgtacaaat cacaatggtg cacttccaac aaaatatatc aatagggtgt ttctctctct 900
attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatc cttctttcaa attcagccat 960
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
tggaggggat cttccttgta ttacatcaag tatgttggt catgggttta tacaagttcc1080
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggcc1140
tatcttaatg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaggag1200
aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattggt1260
gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtgggac ccctgccggc aagcagagtg1320
tcacagctgg ctttctcac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtal380
ctcagccagg acaccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440
gcacagtcac tcacctgcc atttgcgga atgacctggt gcactttgac tgtaagcaal500
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aagggtatttg1560

tttccatttc ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag jactttagtg gccaatataa1620
aagaattcc taattcaac cttaaaaa .

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(viii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

60 tgcgcgcgcg gctgggtccc accaggagaga agcagaattt gcccgcatca tgaacattgt 60
gagaccgccagc acagatcacag cagacccaagt catgggtccc ttcaagatccc tgtcccgcca 120
ggaaccccaac ccgctggggg tagtgacatt ccaggccctc attgacctca tgtcccgcca 180
caagaactcac attaaccatgg acgagctgctg ccgcgagctg ccaaccggacc aggcctgagta 240
ctgcactcgcg cggatggccc cctacaccgg ccccgacctc gtcgccaggtg cctctggaata 300
catgtacctc tcacacggcgga gagtggacctc taatcccaacc ccgccggccg cctctggaata 360
ccctcgctct gtgcgcgcgtg ccctgccttg caacctccgc gtcgcccatac tccctgcttg 420
gttcgggttc agctccagc ctcaccgcgg gtgagcctgg gccacgttg catcgatccc 480
ccctgcccgc gaagtggacag tttaaaaaat tatcttcctg aaaaaagaaa aaaaaagttac 540
gttaaaaacc aaaaaactac .atatattat atagaaaaag tatctttctc ccaaccagaca 600
aatgaaaaaa aagaggaagaa ataaactatc tgcaccgaaa tgccttggtt tgttgccgaca 660
taagaaaaata accaagcaca aagttatatc ccatcctttc taactgattt tttttctctc 720
atcgttcca tctcgtgat tcatctcc aatctcatgt ccattttggt gtgggagtcg 780
gggtaggggg tactctgtc aaaaagcaca ttggtgcagt tgtgttgct agctcaactg 840
tccatgaaaa tatctatga tatataagaa aatcctttga aatggcctgt tttaaggaa 900
gagaatttat gtgctctc attttaaat cccctcagag gtgtgactag tctctttac 960
agcacacact taaaaaatt ttaatatgt ctatataaaa tagyacaacac ttggagagta1020
tggacaacct tgatattgct tggcacagat ggtatataaa aaacccacact cctatgaca1080
aaaaaaaaaa aaaaaaactc gg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gaccgcgctg tggcgcaggc aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctgcggggc cgctccgacg 180
cggaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgtct caagtgtgga cgatctggcc 240
actgggcccc ggaatgtcct actgggtggag gccgtggtcg tggaaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gtttgtttcc tegtctcttc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagtctg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaaac aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tatagggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatttt 720
cctttgtgcg cctccttttt tctgattgat ggttgattta ttttctctga atcctcttca 780
ctggccaaag gttggcagat agaggcaact ccagggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gttttagttg gttagaggtg tatgtataat gctttgttaa agaaccctct ttccgtgcc 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg 1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggaaagtgc tatgaacttc 1080
cataaataac ttaattttta gtataatgat ggtcttgatg tgtctgacct cagtagctat 1140
taataacat caagtaacat ctgtatcagg ccctacatag aacatacagt tgagtgggag 1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaatg gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct 1260
aaacaggaac aacttcatca cagtgttgat gttggacaca tagatggtga tggcaagggt 1320
ttagaacaca ttattttcaa agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga 1380
gttagcataa ttggagctta ttcaggaatt gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag 1440
atgttatatt tgtatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagttt 1500
ttaaagtcga gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaaaact 1560
attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5	(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	(viii) HYPOTHETISCH: NEIN
10			
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
20	ggagagcgccgg ggaagagtag ggtcctctgt ctgagctaga ggtgtgaagc ggcggacaag 60	agagatggcg tctgctctcg tagcatcctg 120	gagcctaccct tggggtcttg gacatctcca ggcagccccc atgtggccac agtcctcctc 180
25	atcattatgt gatgagcgag atgaaaatct cagtgatctg aataaaagca tctgggtaga 300	gatacaatgg gacatctctc gatacaatgg 360	tgatatagccc ggtatagcatt aacatcgcatc ggtatagccc 420
30	gagcctaccct tggggtcttg atcgacctt ggtccttgcat ttgcccgaagc ttatatccca ccatggccac 660	gggcatcttc catctccttg caggtccttg tacaactggc tcagttaagt gttatgttcg 720	tggaattgaa ctactccacc agaaaactaga gctccctgac aatgtatccg gttgaattgg 780
35	gaaaatccat ttaatttata caccatccac cactaaatac ccccttaac accccctaaa 1080	atctcccca cctccaat gtttaattt ttaaatggg ggatatacca ttttatatg 1020	catctgggct gtcacaacca accggaaaag gtaacacctt atgaaaggcat atcggtggc 900
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 675 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
45			
50			
55	(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN	(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN	
60	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:		
65	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library		

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agggaaagag agagagagggc ctagacgaac acaatcacat gttttctttg ctgttcctcc 60
cgggatgggc ctgttttggg gtttgggact ctgaaccgga gcgggggttc ttcgcttgac120
tttgatcctg gtccttaa at gcctttcccc actccctcc cgtgggttca gggccaagc180
ggccctcct cagagcacgg gcagcaccgt ctctggacc cctgtgtgcc agcctctgca240
gacgcagctg gtgggagggg gcatggattt ggaggtggag aagtcactcc tggctctcgg300
aggggggtgg ctgtgtgcct agttcagtgt gactcgggga ttggtgaggg cggacaggtt360
tctgaggcct ccctagcctt ctttgtaaat tcacacgaga tagtccaggg ctttccagcg420
cccagcttg atgataatcc tctgttcccc cactctaagg cctccttgag atttctttgg480
gggtctaccac gtcctctgcc tgtctccagg tggtagagga gatgtggttc ctgtccctct540
cctgggtccc tagggggccc caggccccct ccctgtagct ttagctgacc ccatgggtgt600
gggtgtgggg tctgtgcgcg tgctcaggta agcttggggg ctccaggtaa gcgggtcccga660
agaacggggg gggag                                     675

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 350 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

agcagagcaa ggttgggttc gtcctctgg cagaacctcg gctctcagga ggtccttgtt 60
ccagggaaca gctgcttctc tgggggctgg ggcttctaac ttccctggca gccctcggc120
actaaccag ctggaacca gggaacaaa cgccctggag tgccaaacc ttcgtgtcta180
ttttttccag aaaaacgggg gcaatggctg ttgaggagcc catttggga gaactgggtgc240
ctctaattgg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagttg ggcagggaaa attccttcaa300
acaaggggtt ccacccaaac ccaggccccg gcttcaa atg gccagaaaaa 350

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

5	(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	(D) TOPOLOGIE: linear
10	(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN	(iiii) ANTI-SENSE: NEIN
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24	
25	ccccccccc tccgccttt ttttttttt ttaagaaat ttattttac ttctacagca 60 gaaatacggga aatgttacag gtttgggcaa atcatcttt atgaatgga tcctcatcc120 acatcccttt taatacagcg acgttataac atcatctttg gattttcaaa atccagcca180 caggaataacc tctgtatacc tgtttttggcc ttcatagctg cttccctctt cagaagagct240 ttcttttcta agtccaagct tgttaaaagc tctgtgtcttt gggaagccct cttgcccctca300 ataaccatga agatgcatacc taccaaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttcact360 cgcattctgt tcttggcagc atcaagcatc tccaaacgaga cagtctctg gatttcatct420 tcccttttga agcgaacctga ccatatgagg atccttttct gccaatccgt aggtttgtgl480 aaagcacctc tgttgaagt gcgggatgga gtcctgggac ttccctgtg ttttgtgcaa540 aatccattta tctcttcaaa atcagagctt ctgtaagcc ttagagatga ggaacaatct600 ctttccata acctaaaaca gcttccctgt gccaaggcga gccggctgag gctccccatg660 gcacattgct actcggccga ccagcgcaga actcggccgg ggaagggtgc gctggtgagc720 tcaatgtcac ccagcgttg agtggg	
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:	
45	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 217 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
55	(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN	(iiii) ANTI-SENSE: NEIN
60	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcatacctca 60
gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120
ccaaggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180
gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt                217

```

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gcggatccgg cggtctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggttttt 60
cggaaggcgg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctaccgtaaa120
aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180
tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240
gaagaagtaa cccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatatagg300
aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaat cgaagactaa aatcaggggc catctgcggg360
ttgcagggga ggcaggaaaa gggtgttttt tt                392

```

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(viii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

15
cggtcggaac gatatagttg ttcttaatt ttctccaagt aaaaatagaa tctttaaga 60
aaatatagaa ttacatgtca ttgtcaagggt gtaagcagatt ccatcgttt 120
tcaatatltgc caacaataccc agggatbaat gctgccaag gggggcaatc ttattttgc 180
ttacttccctc ccccttccct gttccttgccct tttaacctcag tttaagtttgt 240
cctgtttggga atttcttgaa atttcttgaa atttcttgaa atttcttgaa 300
cctggaaaag aaccccaaga aaaccttgagt ggaaggttc atttcttgaa tgcagaaaac 360
atlttaaggt cttagattttt agaatattct caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
ggaatatbaac gatatttgc tcttgaaatcc aaaaactggagt attaagaaat ttccccctta 420
cctaagtttaa gacttttgtc atgtgttgtag tcaaataga ccatlttgat tgtaaaacct 480
aaaaatagttc agcaagttag ccacagttct ggcctaagag cagaacttgc gtlttccatt 540
ggtatccctgg agtgggttg ctaaccctaa ttctctagat gttttcttaa atgaaaacttg 600
ataaagttag caccgttgtt tctgttaaaag tatgtttagt aagtggccaa 660
gagaccttag gaaataacag attttttgtt tacccttgct tgtttttaag tcttaaaaaa 720
ttaaagataa catlaataag tagaatacag atggyacata gtcccttgtaa gcttcccttg 780
aaaatgtttt aatatlttag gaagcttta aagacacata aatgttacc taaaagacac 840
taaatlttac taatgtaca aagttcaagc caattltag aaacagttcc acagagtatt 900
atatgttagt cagtgttaag aggaataaac tcatctctaa catltagtata ataacattta 960
gctcttagg agtggtagg ggggttagg taatcaga tttagagat atagaagaag 1020
tttcatlttt ttgtgacccc acagagttcc aatttttat ttcatcact gctagagcct 1080
actgtgaaat cactgctcca tatlttgccag tggagggaaat gggcatalag tagagaaatag 1140
ctccatagt ttacacgttt gcatagacta cacacatgct atgctgttat ggcaagtagc 1200
tgtatttat tcccctaaat aataatgttg aagtatggt tcatcattc ccatacacag 1260
aaaacacaaa cacttttagc ataaacttt ttcttcagaa gccaaaacta cttgcagaa 1320
aatagacca ctgttttaat gtttccctaa gatagtttt agtgaagct agtatcgt 1380
gtgttcgtag aatgatcca atacctgag ctgttgat aggaattgta ttgttgct 1440
tttttatatt agatgagtg caaaaatttt aatgctagtc agtatgagc accacagga 1500
agttagatcc catagcacct tgaatacaga gctttggaaa ctaaggctaa gtttaattgg 1560
attgttact ttgtcacct actgacctt tcttttgtt gaagtgcata tgcagcata 1620
gagctaaagt tcatgcatat ttgttgaaag aacacctttt tgggtccctt tgggacagag 1680
aggtactcc ttgactttat gaattgacag ttactgtttt gccttattgc ttaactta 1740
gtagtgaaat aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaa aaaaaaaa tgcagc 1796

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctgaagagca gatcagaggc aggggaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcactgc agaaagtgct240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca420
ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag480
caccagga cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
tggggtacca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

55

```

gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaag 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tccctcagcc tggaaaacat 120
attaatcca gtgcttttac gcccgaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaag 180
ggagataaga aggatcctgg aactttaaag agggaaaag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taaggagcgt cctgtgtcag cacaaggagc tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga tacaagact tagaaggaca gtcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcggtca 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcggctact ctgaaagctg gagctgcagc 480

```

65

540 aacacccctt tgtattgtct accctcgtta aagaagaga aggcctqgga gaaagcagt 540
 540 tcatcttaga aactgtccct ggaaccaaac ttctgattc ttctyaaac ctctgcatc 600
 660 catctctatg agccaacatt ggaattaca atgacatgga gaatgagacc ccgtttcact 660
 720 atgctgttbg caatgtgtgt agtgtgtgga accccaacc accccaatg 720
 780 atgctgttbg caatgtgtgt agtgtgtgga accccaacc accccaatg 780
 840 cttcagacc tccagaggaag gaggaggtgtg cccgtgtgtg gactagctcg cccaacagag 900
 960 cctcagacc gctcagacat caatggtggtg gccgtgtgag cctgagcaag accagcagcc 960
 1020 aggggtcttc cgtctgtgat gatcagagat gagggtgtct cagctcgttc aagaaatgtgt 1020
 1080 aggggtcttc cgtctgtgat gatcagagat gagggtgtct cagctcgttc aagaaatgtgt 1080
 1140 gttatgtgtc tcatgctctc gaagctact accgctcat gatgaagcctgt 1140
 1200 ctgaagagac atgtgtactg tagctgtgag gaggagacat tccaacagat tgtgtctctc 1200
 1260 caccagagag gttgaggaag aggcgaagtgt aagaagtgtc ccaagcgtgag ccagatcctgt 1260
 1320 gagcagaccctg tggaccctag cctcatccct aagctgtatg gcttcctgaa gctggaagag 1320
 1380 ggaagtgttg gctggaagag acgctgtcag gttgagagag ctatccatat 1380
 1440 cccgttaggc ttgaaagccat gttcagaggtc atcgaaccag gcccattccg taggtatccag 1440
 1500 aagatcaagg agaaaggcct ttgtccagaa tttaaggcct cgtgtgtaga gggccaggtgt 1500
 1560 gttgagagag aagaaagag ttgaggggga gaaagaaag caagcctgtgg cagcgaagaag 1560
 1620 aagaaagag agcaagagtt ccaaccaagc gaaagagttc ggtgtgaaggtc 1620
 1680 ctgagaaaac ttgcccagct ttgcccagct ttgcccagct ttgcccagct 1680
 1740 accacccctc ctctgtgcc agccaacaag ttgactcgtt ccaagttccg ggcgtgtaa 1740
 1800 gttgtgtcaa gacctatgac caaccactgc ttcccccaac ttgagatgag cttggaaccc 1800
 1860 tcaacccccc tacaaccact gagggtatca ctggaagag accctcagtt 1860
 1920 tcaagagatc tttaaccctc atcccggaag gatcagacaa gggagagcc acagacaac 1920
 1980 aggaagccca gaaagtgtgag agcttcaaca atgcccctcc caccacacac 1980
 2040 tcaagaaacca gccaaggggc ttgctgtgcc ggcgtttcc gggcaacaacg catggaaggt 2040
 2100 cgggaacatg gccaccgagga ccaaatgtgt ttgcaaggtc ctccaagcc agcaaaagag 2100
 2160 aaaaacccca aaaaagaaag ccaagaaaca atcttatgta atgagtatga ggaagatgt 2160
 2220 gacctcagcc ggtcctactg cctcagagtg gggacagag ttgcaagttgg gaaagtctcc 2220
 2280 cttaaaaaag caaagagatc taaaaagcat gaaaagcttg aaaaaccaga gaaaggaag 2280
 2340 aaaaaaaaga tgaagaaatga gaaagcagac aagttactta aagttgaaaaa agaatgt 2340
 2400 aagttctgga aaaaagagca gaaagagaga aagaagaaaaa aggaagtaaa aggaaggt 2400
 2460 acagaacag atgtctatca gaaaccccaa acaaaacact tcaagcagag tcccaagaag 2460
 2520 tcaagtgtccg acctgtgtgg gtcccttgaa gtaacaaacgaa gactccctct gatcactg 2520
 2580 cccaaggtcg aagaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aacgtgtgga aagttctg 2580
 2640 atgaatgtcg accacttctg gacctctcg acaactctcg aatctgtcaa caacagcc 2640
 2700 atgaaatctg accacttctg gacctctcg acaactctcg aatctgtcaa caacagcc 2700
 2760 gacttctgag accacttctg gacctctcg acaactctcg aatctgtcaa caacagcc 2760
 2820 gacttctgag accacttctg gacctctcg acaactctcg aatctgtcaa caacagcc 2820
 2880 gacttctgag accacttctg gacctctcg acaactctcg aatctgtcaa caacagcc 2880
 2927 gacttctgag accacttctg gacctctcg acaactctcg aatctgtcaa caacagcc 2927

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttggtgggt gtgtggggtt ttttgagggt ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttctgtatc120
gatctgcaga caccagaaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggattcg180
agacctccaa catacttgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggccctc tgccaagcct240
gtgtgcgatg cccttggtgc tttagtcaa gaagcctagg ctcaagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcagggggt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactat360
acctacgtat aaagtttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cacttttaa420
tttgactttt attttttttc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgt480
agagctggtg agagaggagt caggcgccct tcccaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaagg600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaatc caaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaagg gcg

```

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggtttttaa gtgtggtcag gaaaggccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattaggt aatattttcc tcattttctt actgctgcc 600

```

55

60

65

tttccctcac cagtatccca gagatggtca tagctccata cctacccac agaaacctaa 660
aagaaattag aatacagcag aattggccct agtagagcgc taaazttgt tctcctcgta 720
gaactggaact attgatcatc accacgtgac gttggctcta ttactttcg ttcccaatgt 780
ccttcattg gtttgaaaat gttlaaaacat cccctaaaac taaatcatat aatcagaatt 840
cctatagtcc ccaactatc tgtaaagac atttggaag ctttagatc tataatttt 900
aaaaggaaata ttatatagcc atatgcagaa ttctaatga tgatatgtta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagttg ttgaaatggc aatbatcagt gtttgattta gttccaacta 1020
cttgatttac aaaaattgtac atttagagaa gtttaaaaga aacagtgaaga aatgtaaacaa 1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt gggaaataat atcagagaca tgcaactgaal 1140
aatgtctcac cttcatcctc ttttcttaa tctcataaagt tatccttgtag aattgattga 1200
gaacctctca gtcattctca actgggagcg tgcgtccac gaattggtt tgagagtgtt 1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggt ggcatttgc gccagtgct 1320
aggaatagta acatattgaa tgcaggggac agtgtgctca gtaaaagtct ccatccaaa 1380
ggggcagggc accggtgctc accgctgtaa tccagcact ttgggagc aaagtggcg 1440
gatcacctga tgtcagggtc tcagagaccag cctggccaac atgttgaaac cctgttgcta 1500
ctaaaatac aaaaattgct tgggtgtgtt gtcacatgcc agtaaaccca gctactagg 1560
aggtgaagca cttgaaccg gtaggcagag ttgcagtg tctcaaa 1620

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 249 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

cgtgtaggc acttcacag tgttactga ttgaaaacat tgttgactgt ggcctctac 60
aagatgtcta cctttacag ccttgaccct accatctta attgctgct tttaactcac 120
gggggctgag aattgtgaa accagtggtg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag 180
ctctgaatgg yggaacaaga acgctcttat agcaacaaga tgcattggaact tcatgacagc 240
tcttttggc 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggcccacctt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatggtt ggggtgaatt tctaccctaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatttttttt cctttaagac atgcactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgtttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttgta accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aattctttaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaagct gattttttat gcatacacia 600
gaatgccact ttttctttta tttcatacca ataatttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgccacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaaata tgaaagattt 720
ttatattttt tcaactggga gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcgt 840
agtatataga acaatatcc atataaataa gtttagcctt tataaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaacatt aaatgtaaat 960
ggtttcaa at ggtcagcgtt gtttaaatgt aatcatgtta ttttattcat tgtaaatgct1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtagatc tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat1080
taaatttgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaacg ttttctttct1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa1200
aaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtggg 1246

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 215 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34
10		
15	gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat ctcctcctgg agtcaaaagt tcccaagg 60 tgctgtattt ttaagaaatg gatttatatt aataataagt taagcttggt cccatgttg120 ccgggcaact ttttccaatg gtgccttatta gaagaagtgt ttcatctgg tcaatttaag180 gaaataaaac taggaatgg agaggggggg agaga 215	
20		
25	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 734 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
30	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
35	(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN (iiii) ANTI-SENSE: NEIN	
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	
45	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35
50		
55	gctgcgggg gcttggggt cggcgtcgtg ccccggggga tggggagagc tggcagcagc 60 tcggccagac tggaggtcgg gttgcgcattg cgggcgtgga acgagcgcgt gcaagcaggct120 gtggcgcgggc ggcgcgggga tctccagccc atccagcccc ggcctagtggc ggtcagcaaa180 accaaaacctg cagacaatggt gatcgaaggcc tatggacaatg ggcagcgccac ttttggcgag240 aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaatcctgtc ttgtgtcct300 gagatcaaat ggcactcat tggccaacct caaaaaaaca atgtcaacaa atgtatggct360 gtccccaatc tcttcattgct .ggaaacaagt gatcctgtga agttggcagg aaaaagtgaac420 agtccctggc agagaaaagg tctccttga agttaagg ttatggtcca gatatacaac480 agcggagaaag agatataaca tggccttcca ccttcagaga ccataggccat cgtggagaca540 ataaacgcca agtgttcccaa cctggagttt gtgggggtga tgaaccatag aagcctttgg600 catgatctta gtcaaggacc aaatccagac tccaagctgt tatgtcgtc ccgggaagg660 actgtgtgtaa aaagctgaac atccctgctg aaacggttga gctgattcatg ggcattgtccg720 tctgtaaact gcaa	734

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 314 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
 tgggtgtggag gtacagagct agaccagcac tgggccctcc agccccctgg tagcctctgc120
 tgcaactgaa ctggcagctt ttgcgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
 ttctgcctct ctgttttga atcgccctcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
 tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat ttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
 aaagggatga cttt 314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37: 40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1839 Basenpaare 45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(D) TOPOLOGIE: linear

(!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(viii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cagccgccgc ccatccctct ttgtgtgctt tggaaagccg cggagctggt ggtggctaca 60
 gttgggtgttg ggggcttagg cgagggacgt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240
 gaaaggaaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaaagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300
 tcagatcttg aaaaaaaaag gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360
 ccagaatccc ccattgtccc tctcctatg tctccatcct ccaaatctgt gaggactcca 420
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggccgctgg gatctagacg aggacctatt 480
 aaacttgga tggctaaat cacgcaagtc gactttctc ctcgagaaat tgtcacgtat 540
 acaaaggaaa ctacagactcc agttatggct caacccaaag aagatgaaga ggaagatgat 600
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660
 gaggaagaa atagtaaagc tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720
 ttgactctg aggaattttt aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780
 ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttggga agacaaagaa 840
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaatcgac aattttttga cgaacgttgg 900
 tcaaagcatc ggtgtgttag ttgtttggat tggatcatctc agtatccgga gttactcgtg 960
 gcttctata acaacaatga agatgccctc catgagcctg atggtgtggc ccttgtatgg1020
 aatatgaaat acaaaaaaac taccagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080
 tctgccacat ttgcaaaatt tcatccaaat cttgttgggt gtggtacata ttcaggccaal140
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaa agaactccag tgcaaagaac tccactgtca1200
 gcagctgcac acacacacc tgtatattgt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac1260
 aatctgatta gcattctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320
 catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380
 atgtccttcc ctgttgaga tgtcaacaac tttgttgggt ggagtgaaga aggttctgtg1440
 tacacagcat gccgccatgg cagcaaaagct ggaatcagtg agatgttga ggggcatcaal500
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttggag cagtagactt ctacacatct1560
 tttgtcactt catcgtttga ctggacagta aagctttgga caactaagaa taacaagcct1620
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtggtc acctaccac1680
 ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagatttg atttgtggaa tctcaataat1740
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg1800
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcgga ttctgaagga caagttttgt1860
 tattttgcga tgttgggagg agcagtttgt tggcccccc aatgatggat tggcgacggt1920
 tggcccgacc c 1931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 294 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

agttaccatt gcctttctg tctcgtgccc gtttgggtt gctgaaacta gtccaaaaa 60
ggaatttaa cagcaagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattcaaga aatagagccc120
atttaggaa agatgaact agaaagcct ttcattataa ttcctatgtg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttga ggaaggacac aattcaaaag ggcagtgtaag atttgttaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgcccacac ctctaggaac ttaa 294

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Edittierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

tttttttttc tcattaacaa agcagtcacat tcccttact tttaaatct tatgtacaca 60
ttagaatgat ctgtataatg taccatcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgaacatccat tttaaat180
ttttgcaaca gctccttttc attcattttg gtaaaagccag ttatacatac taatgtgtac240
tgtgaagcttc cagaaagttta atgattgagg atgccagtgga aggtgagcagg gacaaaacct300
aatagtctctg gatgtgtgggg gtaggatggc cacycagact tgatgcaggga gaggggaaata360
ttctttccctg gggaaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aacctcacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaa aattcaaaaa actaggaaga agttttgtc aacctcacag480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaaccaag naaaaaaaa540
ttcttgttga cccaacttag ttgatccaca gagtgccttc ttataatgtg atacaattag600
gatcaactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accagagaaa agcagtaag agtttgcctc aacgtatcag ctggagggaaat gtggaccttg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtrctctcg tgaatatttc aagtcctgata gccaaagtcg780
cctgccctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgccc840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 179 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41 30

```

ctttttccta gtgttatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacagtggt ttgaagaccc cactgccacc ttgatggact ggcccctttg agtctgaatc120
cccgggcggt gtgacctggg acccaaccgg tagctgggcc aactccagtg aattcacc 179

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 40

(A) LÄNGE: 238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: 60

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42 65

gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat gtttaccggg gttcaaaagt tcccaaggag 60
tccgtatatt ttaagaaatg gaatttatat aataatat taaagcttgt gcccatgtgtg 120
ggcgggccaac ttttttcaat gttgcttat aggaagaagt ttttcatctt gtcatttaag 180
gaaataaaag tggaaattga atatgggttg catgttgtac ccgttagtc tcttatgt 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 934 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgcagg acaaggag caggagcac gctttcccg caaccggata ccatcgaca 60
ggaatttccc gctcagccc aacgggaggg gctagtgcga catagtgatt tagatgaaag 120
agctattgaa gctttaaag aattcaatga agaacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
taaggaacagt gatctcttc atgttcaaga caaaagtgc tttttatgtg ggtcatga 240
gactacaag cagagagaaa aacaaggag caaagttagca gattctagta aaggaccaga 300
tgaggcaaaa tatggagagac cactccaaga ttccgttat tcaagtcagc agccttctgt 420
tggcactgag atatttgtgg gaagatccc aagagatcta ttgaggtatg aacttggtcc 480
atatttgag aagcttgagc ctatctggga tcttcgtcta atgagtgatc cactcactgg 540
tctcaataga gtttatgcgt ttgtcaacct ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggtgt 600
taactgtat aataatcatg aatcgttc ttgtaaaacat atgtgtgtct gcatctcagt 660
tgccaacat aggttttttg tgggtctcat tccaaagagt aaaaaccaag gcaatctc 720
tgaagaattt agcaaatga cagaggtctt tacagagctc acaagacgtc atttatcc accaaaccgg 780
tgacaagaaa aaaaacagag gctttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
ccaggccaagg cgttaggttaa ttgagtggtt aagtcagggt ctggggggaa tgttggaact 900
gtttgaattg ggggtgtccc gcttaggaag gtcc 934

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	5
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	15
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	20
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44	
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60	
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggtaaagg ttggggggat atggagatgg120	25
atgagagggg gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180	
gaaatagggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231	
	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:	
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 669 Basenpaare	35
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	40
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	45
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	50
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45	
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccct gaacatttgg 60	
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120	
cccatttatg atttgctgt tcctgtaaga gtgcggattc ctttcctatc aactgcctga180	
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240	
ttaaattgga agcattctta attatgcac taaatttaaa agaagataat ttcaaacag300	65

5	tgcttcctt cccctggtt catcatttc atacttaaa ccaatracr tcrgtatc9360 acaacagcat catcacctc agtcatatag attcctaat accaaagaga ttgtatttt1420 gacttggtta ttaagatat taaatagc ccttccttg aatatagaca tcagctttgc480 tggtcctaaat ttaaatag ttgcttcac agtaaccaac tccaggttc tataccaagc540 cagtcctcc agtttcca ttaaatgga cagttctgt tcagcgtgc attcctgtaa600 tgcttcatgc agaggttg gtcatagtat taaagagaaa atacagtgag gtcacaatgt660 ctccagagc	
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:	
15	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 240 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
20	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
25	(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN	
	(iiii) ANTI-SENSE: NEIN	
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	
35	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46	
45	cgatcacgtt ttcacatgat gtcacagctc agggcgcttc aattatccct ccccaaaag 60 atagtggcgc cgtgtttcag ggtcctcgt ctcctcccta cagaaaaaaa120 atgcacataa aagggcgta acaacgtcagt ccgtccccaag gtttggtgtt cctggagtg180 ccgaaagaga tcagttcctaa cctgcctcgc aggaataacg gtcctgcctc ccgacactct240	
50	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 228 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
55	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
60	(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN	
65	(iiii) ANTI-SENSE: NEIN	

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

```
agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
cagctatata actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag 228
```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1229 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```
aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggcctagtag tagataatat 60
atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
atatttgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaactgtt ctgtgggttt gggaatggtc atttccggg 300
aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggtaggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gagtattaca gagtggtaga 540
atcggtaaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcctttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
tcatattttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
caagaacaca tgaaattott ttaacaccag attagtgtgt taccctaaat gaacggttct 780
agccctctat taagaaataa agggaccata agcattttgg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
ctacttaca gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcagggatc 960
```

65

tggtgtgacct.ctgagcatcta gtggccttgt gaagcgaaga aaccctaa .tgacctgaca1020
aaaaactgacct catgtcctta aagtgttga aguccacttt agaatgtta ctctcgytgy1080
ctttttgtcta atctaatgg gcttaagcc aagaaaaa tagtaaaat cttttttgtg1140
tacctatgy ctagtgttt aatgggagc ttccgtgtg gataaagtat ccagtcacct1200
cagtttccg tggaaagtlt ttatgggg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 750 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgaggagca gatgacaga atgcagagt acatagatga gctgagctg atccagctcc 60
ccggaatcc agagtgttaa cttgttagac cctgcacaaat ccttggtgc tatcctagcca120
ttaaccccat ttttttta aagccatct gaatcccat ttgtcatggt gggaagcatt180
ttgatatga tgcagggaaat ctctccctg agtcaaaagt tcccaagag tcctgtatat240
tcaagaaatg gaattatat aataaatat taaagccttg ccatgttg ccgggcacaact300
tttttcaatg gtgctcata gaagaaagt ttcatcctg tcaatttaag aaaaataaaa360
tgaaaaatga atatgggtg catgatgtga ccccttagt tctctatat tctactactc420
ctgtccctct ataacatga catcctatga gatgctgtgc cactgaaatgc tgaagatgatc480
tgttttttgg gttttttt tttaagaaa tattttcaat gtttctgt gactctcta540
acaactcac gaaactagaa agactgaat atgagggaaa ctatttggga ttagtggcca600
gaaaactga aatcctatag atccttttgac agttctcctg tttaggggga gccctaaggact660
gatatccaaag ttcttccat atccaagctt catggggga ccccatcttg gctttaacag720
750

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 231 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gaggccggga gtggaacccc ctcttttgag aagggtgcct gactcagaga cacagaaacg 60
ggtccaggga tggggagaga tgtggagtga gggaagggtt gcatttgaga aaggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtggtggcc180
tcctaataat gggaggtcag ggccagggtcc tcgggcatag ggagagggtc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggtatttggg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgt atttatttaa 120
aaccatttta gccttttact tatactctgt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgcta agtcocctaa 360
agattacatg ctagggcttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

cttcaactat ccaataagc taggcttcc gcttttgcca vggacagtgt gaccaagata 480
 ttccagagt aaataaccac cacaacactt gttaatccr cttctctct taaactcag 540
 gaagcgaaag cagaagagct cttttcagac tgcctctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
 aaacaggca gctagcactg ggaagccca ccatatttt ctgagttct 660
 tctttccat ggtttactt tattatcaga aagtaaatc agaaaaacag tcttgccctt 720
 agcagacaa gttctcttga aagctaacgg atacattggg attcagagagt 780
 gacacagag tccagcccca gaacttgtaa ggaatttgtt tgaacactga gcagatgctc 840
 cctccctgcc accatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agatcactc 900
 ctgagctctg cttaggcttg gcttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
 ttgctctcac agacttaac tgaaccccc atagtttgctg ttttggagta 1020
 gaattatca gtttaagtc atctgtcata gttgggcat agtggctcat gctgttaatc 1080
 tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaaggagtc caaaccatcc 1140
 tgggcaaacag aggaagacc tgtctctacc aagaaaaaaa aagttaaaaa 1200
 aacaattag ctgaacctgg ttgtgcacac tcagtaggct gaggtagaag gatccctta 1260
 acatgggaga ctgaagatgc agtgaagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtagagaga 1320
 aaaaagtgaa cccatcaca

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

gcagaatttc cggggttttg cgggccccc gatgttttcc agaggttttc aagtgggaag 60
 aggaagcga caaggtgaaa atgccccgtg ccggggcgtc cagcggagtc ctgcagctg 120
 tccggcgtg ggttgagct ctgattatg aagtgccca tccacctac tgagtaccgtg 180
 acttgtgagg actgacaaact acagcatcag gtacaaagtt gtctctt 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 611 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct ccccaggccc cgccgctgcc gcagtcatgg ctgctgatgg120
ggtaggacgaa cgctcgcctc tgctgtcagc atcccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagcccagc agcggagtcc cacctccata tacagccatt240
gccagtccag acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatttggatg gcaagcttca ccagcatgtg gttaagtgc cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atttgaagg acacatctcg gcgaatagga tgccaagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttggcc cagtaatgct tatttctgaa ggaacaacca gtcagcctg cattgcccaa540
tccaaccag aagggtacaa gggtcgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c                                     611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

ttgggcgcgcg gtagcctgttg ctgtttgggg acccctcat tccgtccgct gcgcctccctg120
 ctgcccctcag gcggcccatc ggttccact gggttgcaat ccagcctgtg tggccgtctc190
 taaggatggc cggcctgtgt tggttgcaaa tgaatccggt gaccgagtta ctcacgctgt240
 tgttgcttac tcagaaatga aagaatgtgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
 aatatcca aatcacgttaa tgaagttaa gcaatcccg ggcaagaagct ccagtgatcc360
 acaagctcag aatcacatcg cggaaagttaa atgtttagtc atgaaaaaaa atgggaaat420
 acgatataa atagatctg gagaagaaac aaaaattgtt aaccagaag atgttgccag480
 actgatattc agtaaaatga aagaaacggc acatctgtta ttggcctcag atggcaaatg540
 tgtagtattc actgtccgt ttgattttgg aaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
 agctagaagct gctgattta atgttttgcg attaattcac gaaccgtctg cagctcttct660
 tgcctatgga gttggacaag actccctta

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 560 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

agaaaatgga cgtgacatc aatgtcaaaa aagcggatgt tgaaaaagcc cgaacaagaag 60
 ctcaaatcag tcacccaaatg gcagaggaaca gcaaaagcaga ttacctcatcc atctctccaga120
 aatccaacca tgaagcagcat gaatatcaac ataactcacat ccccaacatc ttccagaaaa180
 tacaagagag cggaggaag gaggatgtg agaatgggag agtccatgaa gacatatga240
 gaggttgatc ggaggtgat cccaatcat gggaagtggc tggatgggaat agtaaaaaag300
 gccgaatcaa ttgatcagaa aatgatca cagctgtgtaa tagaaagctta taaatcagg360
 tttagacctc ctggagacat tgaattgag gatatacatc agccaatgaa gcgcactgtg420
 tcagataaaca gcccttcaaa tccagagga gaaagcacaac cagaccctcaa atttggtg480
 aaatccaag gaaagtatg gccgttcatc aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
 gggggcccat tcagcttcaag

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctgggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
ttgctgagag agtgaacat aggtcctaga caggggtgaag agttctggca cattttagct240
gctactttga gacctcgggt atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gaggttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtttg cattttttaa atccccctctg tttaaaagggt ttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagtgaat tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctgggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcaactaaa tccatctgac tacttggttc720
tgtgccctct tgtttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatgtt gtaattttta cttattaaag tcaacttggt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaaa a                                     851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

cttaaccaaa gacctctgc taagttcgtg ttttggata tttatgaact ggttcactt 60
atcttctc gatttagcag gagccctt ctattcag ttcattcag gccctcaca agcctctga 120
cttctcataa ttttctcata agacttggcga aactggatcga ggcttcaca agcctcga 180
agaagaagaag aagtagaata tcatcacctc tgcagaaact ggcctctgg acttcagaac 240
atttgtaaca tcatgtcttca taaggaagcc attaaggtca ctcacactgcc atgtatgcaa 300
ctgctgtgtg gctcgatag atcaacactg cctgtggact ggaagggtga taggtttgg 360
caacatcac tatcacatat tctcctgtg tttccttcc atgtatggtg gctggatat 420
ataaggatct tcatctcat tgtccagttca ttgtgccaca acattcagaag aagatggat 480
atgactcac ctaactcaga ttgtggcctg ttccctgg gtttatata tcttgatgct 540
agcaacttc cattctcat ggtcaacatt ttatatata aatcaactc ttcagatgc 600
cctcttggc ctgacctccc atgagagaa cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
acagaagctg tccctcagga agacaccata caatctgga tcatgagaga acctggcaga 720
ttcttctcag tgtgctgct tggcctgtg gaagcctgtg gtgtagat ggacatcaca 780
gtacacactg gctcttccac cagccaggga gaaggttctt cgctcagtat gaagaaagc 840
aaaccaaac cctcaactcg attgtttt gttatgtcg atgcccgtga gtttgaaagt 900
gaagtaaaaa tttagaatc acctaaagcc aaaggaaac acgtggttt taagacctt 960
aggtaaaaa agttctcat aaagtcata caattttta ggttagaaa gtaggaactt 1020
tctgataaat cttggcagac atcaaaaaa aaaaacatat tttccaaag aaaaatgcaa 1080
tacttttct tggataaat actcactgat tatggataa atggaatat ttcagatat 1140
atatggcctg tttcaaaaata gtaatatct ttaaatctgt aatrttgc aagtatat 1200
tcttgtgt atctataaat atgtaaaaa tatataata gatgacctg tttgcttct 1260
aacattaata aaaaatttt tttgtaaaa ggaaaaaa aagaagagga aagaagagga 1320
aaagagagag ggaagaaaga .ggagaaagca agga 1354

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 268 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN
(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

cygatactc cctcagtaaa accaaggtgc atttctcgg acccaacctat ctgggggtg 60
atagagata gaggttga aatactaaa atttttcc ttctgatat aattatgat 120
cctctctag aagtcctgc gtccttgcg gagaatttct atttaagcat ccttctgtag 180
aagaatctc aatgtccctt ttcatccag atccaacct gatgaacct aaagctatat 240
ctaacaagt ccttatca gtttccc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 752 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

30

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tatatttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaaatt ctccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agtttattga tgattattca tcctcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaatg aggaaagtgt ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcggt caggaagtgg cttatatcca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaatcctg ta                                     752

```

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

65

(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

gaactccaag ttagtgat gcaagaatgaa aacttgct ttgcgcgacat ggtgagttt 60
tagtttgtgt gtgtctttgt ggggggtgtgt gatgtattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagatggcag cagtgcacag cactgcacag gatggcagct cctctgcagc ttctctcaca 180
gcctccctcc ttgcacacccc acaggttttg cttgtgtttt ttgtcatcacg taacctactg 240
cctagatcca tgatctctta aagaatgtaga ctcctcggaag ggttgatgtt atgctgtcagt 300
gagcctctca tcacctctcg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaagagat 360
ttagtgttac taagaaatca tgcctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagaccta 420
ctgagggaagt tagctgcggg ctgccctgtg ggtgtgtgct tcagggagga tcagaggaag 480
tgttcagatg cccccccttg gctcccttct aatttaac agctcttaaa atagctgccc 540
atcctctgtg atgcacaaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaaatggaa ccaaggaacca cctaaggggc ggcgtgggtgg gagatggggag ggcacaactgc 660
gagctgtccc acttcacagc tctcccctgc cctgcagccc ttggccagac aagccagaa 720
ggttcagggt gcatctgaca tcccctctgt gttctcaca ggaaaaacatc caaagctttg 780
gaggaacaa gcccctccctc tggcctccct aatgcccctt cctcttgtaa actgatctc 840
agccagcaat gacctagat ttgttaagat catctctact gctttctt ctgctcaaa 900
cacacagtic gtccttagag aagtaaaat aaatggata agagttaatt ggttaaggag 960
atatccaag ctaccagtc ccttggaacca gcaagtttg ccgaacctgt tcacctccctg 1020
gctgtctgctg ctctctgtg ctcaactgaag ggtgagccag gccagtgtt cccagcccc 1080
ttggcctgtt cactacacag tggaaaaag acaagcgcc cctcccca atcccaagag 1140
ttgtctgtgt cttgtgtgtt gctcatcgca atgtctgaa ggtccagggt ccaactgttt 1200
tgaagttag atctgggccc caaatacca tagtagctgc ttgataaat ttgataaat tctaataa 1260
tctggtcttc tatattgaa acaattac agtcaaccgt ggtgaagac tcttgagctc 1320
ggtctcata tcagagtcac cattttctt cctgtggaat aaatgacct gtggacctcc 1380
caaaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cgtatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
ggttgaggct gtgtgggtgg gggacggggc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccacctal20
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgacl80
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taçtggtta240
caggatattg acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300
gaatatatag atcaaggctg aaatcccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggtct360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ttgattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc acccgcttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
tgcgatgcgg cgtgaggctg ggactgcgag tgctgacgcc accttcctgc tgagggtggga600
ctggggcctg gacacacccc tcagcccctc tgcctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggctggag gagaggcgga gtgtgccccaa gggttcaaga ggttggttgg ggtgaaatgg720
gtttgt
726

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

ggctgagaaa aatgggggga gacataacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgaggg agttcaggta180
ggctgggcct gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gtagccaggg ctggtgctta240
aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt ctctgtgct300
gcctggtttg atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttggggc360
tgacaccac caaggatgac ctgtggactg ccacggatg ctgaacaggg agatgaaagg420
aggctcctct accatacccc tctgccaaac cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatatic cagaaatcca aaggggctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcagc540
acctacctgt tgtcccaagg catacaagg agccccaac gctcatgctt ctctaataa600
gccctaccaa gacagacaga aaaggaagg gtatgagaga agcttgeagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g
681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

ggggccacact gagcagatctc ttgtgtagaa ttttccaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttcctgtc cagttcctcca aatgacaaga agtcctcttttg ctcaatttga ggaggaaatgga 120
atggtgtgat gtagtgcacaaa tatgcaaacag gggaataaac agtcttttga gatcccaaga 180
agtgtccctat aatcagaagaa aagtgtgagaa agtttgaaaga tcagaaacgag tatgaaatccc 240
gacgaccttg gaaggatgtc aacttccaact taaaaatcag agacatttga gcaagcaactg 300
aagcaaaagca cagctcttga gaaagacaaga gagcagaagc cgaagaaagg aaggaagagg 360
aaattcagtg ggaagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgttggtt tatgatgaac 420
catctactga acgtctctgtt gctgccaaagc attaggttg aaagatgcacaa gtttatatacc 480
gatgatcagg gcagttaggca taattcagca acaaaccaatc ttctcttgagg aaaaacctgt 540
tcaattccaat ctctcaatta cagtgttccc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaaacaat taagggggaaa agcttcccct ttcccctctgt ggcagtttag attttggactt 660
cagtccttag aaaaactca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct ttccaaca 720
ccaacagcttg aaagcattta taatccaag tctgaaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatcacca acttgcttctc tagttccatat aatctcggggg acacacatatc gtaatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgccctactg 900
taaatataggg ttccctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtg 960
taggaaaattt catggtcttta cctaacaataa cttttatttt ggaatttgaac tatataataaa1020
ttgtactaa tcctggaaat cagtttaaat aattattctt agtgcttaag gcttcataaaa1080
gtaattttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

20

```
aacagttggg aggttcttag ctcttttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60
agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120
ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccata180
ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```
tccaagggtc ctttagtcct tcctaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggcttg 60
ggacctctcg gggttcttac cttccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120
ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccagga180
tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240
```

60

65

tcattctccac tggctgcag aacaggccctc cagggtccc agactgatat tcagactgac300
aatgattga caaaggaaat gtatgaagga aaaggaatg tatcatttga acttcaaga360
gactttccc aggaatacaga ctttcagaa gccctccttc tagaataaaca acaggaagtc420
cactcagcag gaataataaa gaaggagag agcaacacca ttgatggaa agtgaaga480
gagacaagcc ccgtgagga gtgtttttt agtcaaaagt caaactcata tcagtgtcat540
accatcactg gagagcagcc cctgggtgtt acaaggttgg ggaatccat cagcttga600
acaaactcg tgaagcatga aataatcat tctgaggaag gcccttcaa atgtgaaga660
ttaagtagagc ccttagtgt tgactctcaa cttatccaac catcaagaga acaaacactga720
ggaaaagcc tcatcagtggt cggagtggtg caaagcttc agcattaatg agaaattaat780
ttggcatcag agactcaca gtgggg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 241 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(viii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

ggtggaattt tttggccc agtattgg gggtgatag ggtagaagg tgtaataact 60
taaaatttt tcccttcctg gtaataatat tgaatccct ctagaagtc tgtcgtctt120
gctggaatat tttaattaa gcatccggtt gtagaagaat ctctaagtc cgttttcat180
ccagatctac aattgatgaa tcctaaggt attctacaa agtccggtta ttcaagtttc240
c

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 266 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```
gcggatccgg cgttctgcac tgatcttttc caaggggtga cagagatggc ggcggggttt 60
cggaaggcgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaaggt acctcaaagg tgctcggaag aaggggtgtg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggggtaca aattat 226
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgggtgg cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tggteccctc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcaggtg ttgccggtgc t 151
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

gagacgcgtcgc ccttcgagagc gaagggtacc agcccggtacg aagctcgagc ctcctcggtt 60
atcgaagagagc caggcccgcg ggcgcacagcg cgaagcggtc ggcgcacagcg ggcgcacagcg 120
agccggtcagc agcgcgcgcgc cgcgcgcgcgc atgaaagatcg gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc 180
gagcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc 240
tgcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc 300
tcggtatcttga tcatcaatgc tgcgtgtaactg ttgatttttat ttgatttttat ttgatttttat 360
gacatagttaca accttttcaag ttctgtacaag ttctgtacaag ttctgtacaag ttctgtacaag 420
gaatagttgca ttgcacatgc gatattctctt ctcatgatcc ttgatattgct tatggtacta 480
aacatagttgca ttgcacatgc gatattctctt ctcatgatcc ttgatattgct tatggtacta 540
tacggagcggt acaagcaacgc cgcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc gtcgcgcgcgc 600
accttgcgcgc gaacatgttgc gttgcgcgcgc gttgcgcgcgc gttgcgcgcgc gttgcgcgcgc 660
aatcaatagc gtaactgtgc cctaatttc cctaatttc cctaatttc cctaatttc 720
ctacactgttgc gttgcgcgcgc gttgcgcgcgc gttgcgcgcgc gttgcgcgcgc gttgcgcgcgc 780
acctgatttag ctgtgttttgc aactgttgcgc gatcatcaca ttggttaggaaac tccctcgatg 840
ctgtgtaattgc tgcgtgcgaag gagcgaacgc caacttaagt gtctgcctaa gcttcaagt 900
ggcggtgagtg agggcagcgag cttggaacttg caggacaatcag agcaaatagtc ctgttatttc 960
accttttgcgc tgaactgtgc ttgagcttgc ttgagcttgc ttgagcttgc ttgagcttgc 1020
gatgtttagat tgaataactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagattt 1080
aactgttagaa ttcttccctgt acgatttggg atataacggg cttaacactaac cttcccttaggt 1140
cattgaaact tcccccaaat ctggaatggacc tagaaagtctg ctttttgcac ttgctgggccc 1200
caaatgttggc catttttctc tctgttccct ctcttttgaa aatgttaaat aaaaaccaaa 1260
atagaacaact ttttcttcag ccaattccagc atagagaaca aaaccttagg gaacaacgga 1320
tgaatcattgc ttctaatagc gtaaatcagaa gtcccttatgt atgtgtacal 1380
agaaattccc ccaacaactc cttatagat gaagtccaat gacagtttgt gtttgggtgt 1440
aaaggaatttt ctccaatggc tgaattaga ccaattaga aa gccaagggc gtgggagcag 1500
tgaaccatctgc ctgaactgttc ttgtgtggaat ttgtgtggaat ttgtgtggaat ttgtgtggaat 1560
gtatgtgttga gaggtgttga ttggtgtgtt ttggtgtgtt ttggtgtgtt ttggtgtgtt 1620
ctccttgatc cacaatcccca cccaagggcc gcttttatac agttttatac agttttatac 1680
ttcaaggagag tcatccaactc gactttatac agttgtgaaatc ttggtgtggaat ttggtgtggaat 1740
ttcgaatcctc gatatacttc ttggtgtggaat ttggtgtggaat ttggtgtggaat ttggtgtggaat 1800
ttcgaatcctc gatatacttc ttggtgtggaat ttggtgtggaat ttggtgtggaat ttggtgtggaat 1860
ctccttgatc ttcaaggagag ttggtgtgtt ttggtgtgtt ttggtgtgtt ttggtgtgtt 1920
tatgttacaag agtcagcaac ttctcctgtt ttctcctgtt ttctcctgtt ttctcctgtt 1980
cggttgcaat taacaacaag ttgtgccaca ttgtgccaca ttgtgccaca ttgtgccaca 2042

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 147 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	15
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	20
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70	
ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtcccctgc tctgcaacac 60 acaggtagtc ccagtgtctag catttgtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcagtg120 gtgtgatctc ggttcattgg ggctccg 147	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:	35
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 143 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	40
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	45
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	55
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71	
ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtcccctgc tgttcaacaa 60 aaaggtagtc ccagtgtctag catttgtcta ggtaagggtc aactgtgcct ttgtgcaatt120 gtgtgatctg ggttcattgg ggc 143	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

agcagaggtta gccagaaatg cctcctgctg cccagacctt agagagctcc ccatccaatc 60
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 65
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 70
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 75
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 80
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 85
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 90
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 95
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 100
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 105
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 110
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 115
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 120
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 125
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 130
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 135
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 140
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 145
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 150
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 155
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 160
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 165
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 170
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 175
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 180
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 185
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 190
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 195
atcgagccctg aagcttcata gcccaagaaat gccagacctt agagagctcc ccatccaatc 200

```

gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggtcttta gatgcaacc attaatca1920
ctatcttacc tcatagtttt ttcaggggtg cttcttyatt agtugggat tttgaacacc1980
tcttttaata cagctagaaa ataaaaccaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgcca2040
gcctcacgca tttgtatatc tccagaaatt caggtatgcc tcaccaattt gcccgctctt2100
aataaaatct tgtgttaaaa tttgcatcac gtcgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
acagagattt ccaattgctc ttttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatctt2220
tatgctgaaa tgtttatata ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
tgcaacacat tttgatatat tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
tcttttgtag tctctctggg atcagtaaaa gaaaaaaa ataatgtgct taagaagtgg2400
gactgtaaat atgtatatat aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
aatttttaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggtcat gaagttttt tgcattttta2520
tttaaatgaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaata atagccattg2580
taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggtaact ctgatctcag2640
ttacagtttt tttttccttt ttaatttcatt tttttgggt ttttggttt tgcagtccta2700
tttatctgca gtctgattaa gtccattatgc tagaatagg tactacaaaa aaggttatat2760
tctgaaagaa aaataactga cattatatat aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa2820
attacacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt ttttttctt2880
cattgcagtg gattgatttg ataaatagat gtgttgaaat actacatttg ctgtacatat2940
tatttaataa actttattca gaattgcgtg gcaaaaaaaa 2980

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 227 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggc ccattttgca 60
ggatcatattc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgtcctatgc ctttggtgtt120
tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattggttt gagagtcaag agagcattgg180
ttttggagct ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 246 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

ctcgtgcgcyg ttggtgttg gtgaatacag tccaatacag ggaatttaac agacagccac 60
agccaagaag tgcatagtga gttacaaggaga gtagagccca tttagggaaa gtagaacta120
gagagggttt tcaagtagtga gccatgttga gcagttgagt cätagctct gatcctggag180
gaaggacaca ctccaaggg gcaagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataattact240
atgggg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 773 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

cgaagtgta aagttcccy cctccctcy gccaggcgga acctcctgc tggcccggt 60
ggccgcacaaa gaacttctt tctccgcccc gaacggtcgc cgcggccaac tgcctcgcc120
gcctggcagc ctaacccctc tctctctctt ctctctccg gcttcgcgcg gccctgacctc180

```

cctctcgccc ggccgcatcc gcttgctgct gccaccgct cctcatcttc tgcccgcca240
accggcctgc cccgctgcag tgatgtgcga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttgat gagtgaaag actatgtggc caaggagaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgctgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctccctctct480
gtctgctgtc tatgagggtc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggggtgctga540
taagactgtg aaaggccag atggactgac cgcctttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgt ggatggatgg actgataact ccggaagaat gactctcctg660
tggcctcaca ctgctgctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 293 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

gcaacgggca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactgt gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacggcaa120
actgctccta attttcccta cagagatgat gtcatgtcag tgaatctacc tgtttgggcc180
ttattattct tctgtttatt agcatthaatc ttgactttta agggttaatt gatagctgtg240
tttgactgac taaccgtaca atcaatggta gggactctc tgatgtccgg ggt 293

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5	(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
10	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77
20	ttctctcctag ggcgcccaagc aatggggccac ttctgctaga atatggtatc tcttagatgg120 gaaatggcag ccacctgggca aacttgctgc tatgggcatcct ataaagacttc agggattaca180 taaacctgtg taccatgcac tgaatggactg tggggatcat gttgttataa tgaacaccaa240 acaacattgca ttctctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggtcta300 cccagggtgga tttagaacaag taaacagctgc tcaagcttcac ctgaggggagtc cagtgggcaat360 tgttaaaacta gctatttatg gcatgctgcg aaaaaacctt cacagagagaa caatggatgga420 aagggtgcac cttttccag atgagtatat tcagagaagat attccttaaga atttagtaga480 ggagcttcct caaacaccgaa aataaccctaa acgtcctagat gagtacaacac aagaagaat540 agacgccttc caagattgtt gactccaac ttgaagattat cggctataag agaataga600 ttgcaagaata taacagtgaa gtgattgaaa cttctctctg atgagtttct ctaacctaca660 ggatggagta aaaaactgc tcaagttcag caccgttttt atgtggcggaa tcactgtggg720 gaaagtcag gaagtgttag tcctccaata ggaattgta attaaaatat aatttatag780 aaccaatttt atgtaactcg atttgaatgt tatagttgat ataataaaaa tcacttaatt840 ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg
	870
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:
40	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 237 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
45	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
50	(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN
55	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
60	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
65	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgajcccag cccggtcatc tacaaccggc 60
 ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120
 gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180
 gatttcttca accccagggg tcaatgaccc attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 439 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60
 cagtcattag gatttcttaa taaaaaagag attgtatttt tgagttgggtt attaaagattal20
 ttaaaattag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaattal180
 gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtottct cagttttccc240
 cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggtcagcag ggggtttggg300
 agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaatgggtt cgggggtaaa ggtaggggac360
 aagggaggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420
 ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

gcacaaagctc tcaaacatatt gagaaagagac catagaaactga gtgcaggcac cagtgcgcgc 60
ttatatacctgt gtcaattcaaa tgaatgttttg gataccttaac tctgaattga 120
ttttgagttaa taacttcaag tgcataattat atttccttttg tctcaattgt 180
ttccccctt ttcttttagg ctttcttctc tgagttcataa gaaaaaactc cagtttttaa 240
caagttccagc ttcaaacatt atcagattgag cttctgaagc ttatcccaag 300
cagggaacca aagaaacctg caaagagagc agaggggagc tcaaggacac 360
ttacagggac aaagtgggtc tacaccaaag cttcttctc aatgttttg 420
tgtttccccc aaaaaccaag acagccaacg aaacctccca atcagaacac 480
aggaattgag cttgttcttg tgacccaaga gaacttaagt caagactaca gaggttaca 540
gatggccagc tccattttt ttaattgaga ataactccct gaattatata aatccctga 600
gaaataagcc tcaagtttcc atctgttttt gataagaata agaaaaggag tgaattgtga 660
gatgtgtgtt agcaatttca ctgaagactga tattttaggc cttctgttca catcaaaaga 720
tatgtgtctc agaataccag cattttccct ccattgcaag gatataaac 780
tatgtgtctc caaatatata ttttgaacat atttatgtgc tatggaaaga 840
aatgtctgtg actaaaataa ggtttactct ttaagaagag gaattttat caaagcattc 900
aaaattttt tcaagttgtt tcaaaattca aagcatttga ttcaaatgtc cagtgaagcc 960
atcaacttat gtaaaaacct agaaaggaaag cttcccttat ttttcaag cttcccttat 1020
atgtctgtct tcttgttca ttaacacac aagtacaac ttattgtcag gtgacctagt 1080
ttgagtgaat tgttagatgt gcacttgaac cgggattgtg gggattggag agagagaatt 1140
gtccaaaacta gcttagagga aagaatacac atgttcagag cctaattcag taggaaggcc 1200
ttttctctac aagtcatacca ttttctagc ttaaaagata 1320
tatttttgat atattcaatg atattctctc cactccaagc ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
ttaactatct tcaaatgtgt caaagaacat agaatttag taacctttag agtataattt 1440
ttaagccaat agcctggagc taaagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
ttgtgacctg agaatatata atgacacccg atgacacccg ggtlattttg ggaagagtt 1560
tgatatattt gaagaaatgt tcttagagaa aggaagggga aggaagggga 1680
ggcattttc tatttccccc acaaatatat tcaaaaaaaa tctgttatct ctgggtatat 1740
tcatgtgcaa gaggaagaaac ttgtgttttg aaagcagtat ggtattctta aatgacctct 1800
accttacaag gatgaatgac ttgttagatca taaacttaac cgttgtcaatt aacatttaaa 1860
ctgcctataa gaaaaaagag agaattttc tgcattgtaa aatbaatcag 1920
tgttgaaatt gacatttgtg tgaatttca ttgttgccca ttgttgccca 1980
atgttaataa aagttccaact attttttttg atgtttcatt atgtttcatt 2040
gacagtgaac ttctctaatg gtgggagtc agttcattga ttctctgata 2100
tttgcaagtag gttattgttc atttcaagtt tttactgaaa ttgagagcaa 2160
atgttaatac tttaatttat caaagattta aactcaaat aactcaaat 2220
ctgtgaacct tcttaaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat 2280
gtgcacaatga actttgataa aatttgataa atcttgatga aatcttgatg 2340
agagcttag gatcttagt gatggatga gattacact gaatacctaa 2400
tatacatctgt gtitttgtct ttatgtctatg tacagagaaa tgtgataatt 2460
aataattttt atgabtataa aag

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 202 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	5
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	10
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	20
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81	
aaaaaagtgg gagcagttga ttagttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60	25
tctgctacgg acttttaggga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120	
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcatgg180	
aagttatagg gcactacatg ac 202	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:	
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	35
(A) LÄNGE: 353 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STRANG: einzel	40
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	45
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	55
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82	60
ggtgggtgggg. ggggggggtgt tgggccaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60	
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120	
ttattaaaaat tagcccttcc ttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180	65

ttagtgtctt catcagttacc acaattccag ttctctatacc aajccagttct cctcagtttt240
cccatagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgrr.ct gtaatjcttc atg(a:agagag30)
tttgtcata gttatataaga gaataatcag tgaagttcaca atgtctccag agc 353

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(viii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

cgggataac caaacacagc tgtttaagtt ttctccctta acccatgtctt tcataaaacc 60
cttcggacag cttcccccgc caggctttct aaccacaact acccaggggg tgcgcgcatc 120
ctgcacacag aagtcctgcag cgttccctca aaaaacttga ttgtgcataa aaaaatcatg 180
gggatacctgt taatacagct tctaactcaa tagatcctggg agatccctgca ttctctaa 240
gctcccaagt. aagcgggagg ctgcttgtgt tagagaccatg ctgtgagcag caggggcgga 300
gtgcccaggg ctgatatata ttggaatat caccctgaa gccatcgtcg cggccccaact 360
cctgtggaact gatgcccag ggaattccac ccaacttcctg caaccccaggg tatccctcat 420
tatacacaact atccagaact ccaaccccag ggaattgccc tagatgcccg tgaagacctt ggccctaga 480
atatgtgttggt ttatgttgagt gttgttttaa tcaagagatgt acatgatgtg caatctgcat 540
ttcttaccag tgtgaaccaca ctgttaagat gcaatcctag ccaaaaaaaa actttttcct 600
agtcttatgg aagaacaata tacaatgat ttcagtagc ttcttggaata gaaacagtgg 660
tttgaaagac ccactggccac ctttaatggac tggccccctt gagtcttgaat ccccggtctc 720
tgtcaacctga gacccaaccc ctgactgggc caactccaat gaattcacc atttttcttc 780
ttcagaaggc ctttctgttg tgaagaccac atatittaac ctttctgctc tatcccat 840
ttaagaatat agagaaataa ccaggccctgt ttctttccct ctgaaatccc tgcctctggc 900
ttcttccaaa actggccaca gatagcagag cagtgtctgg aataggcatac ttccctcaa 960
ccttcccaaa actggccaca gatagcagag cagtgtctgg aataggcatac ttccctcaa 1020
ggcaaacgtg ggggattgt 1039

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```
gaacagttgg aagcttctta tctcttttta gggctttaac aaagaatttt gttttatttt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
agggcagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcaggga                270
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtttatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctagggcat aataaggaaa atagcacttt180
tattttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgagggaagt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatatt aggtggcgctc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccogg300
atggttatttg gtcggggccaa ggttggaagg                330
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 235 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

attcaagtat_ttttagttt ttaaatgtc ttccggtga ggaaggagc ccagccaga 60
aagcaatca atcatgtca agttccaac tgaatcatc tgtgagtgga taatcagga120
aaatgagat ccaaaagaca aaatcaaaag acagatgggg tctgtgactg gatcttatc180
atcatctca aatccgactg aatatgtcgg gcttacaaaa tgccaaaggg gtgac 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 189 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```

gggaggcttt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60
ggtaatttag ctgtatttta attaaaaacc cttaggccgt tacttatatc tggtagaatt120
ccagtgatca gcctaataag gtatatattca gaataatttt tttttccttc agaataactt180
agaatcaga                                     189

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

35

```

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
ccgggcatgg tggtctgtgc ttgtagtcct acttcagctc aagtagctgg gactacaggc120
acgtgccaca agcccagcta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180
ccaggctcgt cttgaacacc ggggctcaag gaatctgccc atcttcgcct cccaaagttc240
tgagatagca ggtgtgagtc atcatgcccc gcctccttga agtttactaa caattgggat300
aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360
ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420
tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttctttca ctacctttct480
tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540
tgtgcgtcac caagtaatct ggttcattct tcgtctcatt catgttattt tcaagtgaag600
caagacattt tgggggtcaa gtctcttttg gtgttttggt tttatgtata taaaaatgga660
ttttgtgttc cctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720
agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780
cttgtaaaat aaataattgc attgtatata agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840
ttttagaatt tttaaatacc aactat                                     866

```

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 224 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

agcatttgga agcttcttat gtcctggagag gtccttaaca aagatttg tgtagtattt 60
agaaccaagt ctataaactg ttcctgtgaca ggcgaagtag taaatagata agacttgca120
ggcagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaagcgctgt gtcgcgataa cact 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

cctcctgtcc aacggaaaaa acatggaaag gttaagccta acaaccctc aacggaact 60
ttatgcacga aaaaacactc ggaataaaaa ccacaaaaa tacagagag aacgttttta120
accttagg cctgcgtcct ctgccttgg ccacacagg tcaagagta ggagtgaaga180
aggaaggat gggaacgat cccctgggac gttcaagtac catccctgt ctccactctc240
cagccctaga gagtggacca gccagagcac ctgctctgga ctctcagacc tgctgctttg300


```

tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccatttagtg qqatcagggt ccagtcaata360
ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
aggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
agggaaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatttgagcc ccaatggtat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctagatccct600
gccaagggtg gtagagacaa agcagcaggc ctgagagtcc agacgagggt ctctggctgg660
tccactctct aaggctggag aaggagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttcttctc actcctactc ttgaccctg atggccaaag ccagagacgc780
agggccctaaa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840
gcataa
846

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 223 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```

ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggggtgtggc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggtgtgg tggtagttat gcaaggctac atg
223

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

15 cgaagcgctc ggaataccgt tgggttcgag aacttcctgg attatccctg ccaaggaactt 60
tgaataatat ttttcctggag gatttcgctg cttcccggaag gttccttggaag 120
agcgctctag ctcctgtgga aggttttgga ctcctctggc cggattttgc aattctctcc 180
tggggactgc cgttggaagccg catccaactgt ggaattataat tgcacaataga cgttggaaga 240
gtctcgttgcg tgcgaacaacg cggcggcagaa gttgcagagag gttgcacagag 300
gcttttggtg gccgttcagc gccagagatcg cttcaacagt gggtgtgtacg agtcgggccaa 360
gttgatggaat gtggaacccag acaagcgttgtt cctcgtccctc ttggcccattg acgaaggaga 420
ggaagatgga acatccctgc caagctcatc cagtcctctc gctgtgacaa 480
cgacatcaac atcgttcggg tgtcgggcat gcaagcgcctg ggcagactcc ttggagagcc 540
ggccggaagcc cagggtgcacaa ccgaagcccg agaacctgcat ttgtctcctgg tcaagaaacc 600
tcaacagga gcccttggaag gccacggctt gttggaaggtg gccagctact gcgaagaaag 660
ccggggcaac aacagttggg tccctctcat ctcctctcag gaacgctggag gcccttccca 720
gccaaggaat cgttgtgagtt gctggcccaaa acaaaaaata caataaaatb ttgaaacccc 780
tcccctccag cacaacccc ccaaaacaa ccaacccacg aggaacatcg gggtgcaagt 840
cgttgagagc tgaagaggaag gaagaggaag agaaaggagag ttgaagggagag tgaagactga 1080
ctgcgcgcct cccaatcag gaaggtccag actgtccaat cgggggtgga gttgaagactga 1140
ctgcgaagccc caccctccct gagaactggag ctggcgtctg catacgaagag actggtga 1140
actggttg tctcgtctg caccctcgac aagaacacac ttgggactt gggaactgg 1200
gtgaagttg cctgtatcc atgaacctcc agtttcggaa agtttcggaa ttatagagac 1260
gttaacttga cttgtatcc gaaccaactga gagcgagatg ggaagcagag atactatat 1320
tttatctct actatgaggg ccttgtaata aattcctaaa gccctcgaaa aaaa 1374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

gacctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
gagtggagag gcccggggcc agaaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga 120
ggcaggggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag 180
cagccccag gcccgaggga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg 240
gccattcct acctcgaggg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc 300
aacaccaacc gccccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat 360
tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca 420
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggacc aggacaggat 480
ccaggccggc ttgccacacc cccacccctc aggacttatt cccgctgact gagtctctga 540
ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct 600
gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg 660
gctcctccag ggtgagcag acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa 720
aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

aggaagcta gtagcggacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60
taaagctgag cgaccdagtg ccaactggaga cggtcagctt ctccactcag gctcctccag 120
cccagaccag aagacccctt ccccagaat tctgggggcc gatggaagg agccgagtca 180
gatcgcgagg taccagagc cgacagaccg gagcgacagg gaggttgccag aagccccgcc 240
cctaggagtg atcggaaagc ctacccatc cgggtgagga acccgaggga ccgcctccgg 300
gcggagcgcc gaccatggct acgcccctgg tggcggtcc cgcagctcta cgcttcgccg 360
ccgcggctag ctggcagggt gtgcgggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420
agtttctgag atctctgcgc gctgttgccc ctggcttggt tcgctaccgg caccacgaac 480
gcctttgtat gggcctaaag gccaaagggt tgggtgagct gatcctgcag ggccggcctt 540
gggcccaggt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600
atcccagagc tacaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660
agcagtgtaa gcagctgtca gaggtcctg tggatttggc ctcgaagctg caggaacttg 720

aacaagaatga tggggaaccc ttcttgctg ccatgaaaa gctjctttt gagtacttgt 780
gtcagcttgga gaaagcactg cctacacccg aggcacagca gcttcagat gttgttgaca 840
ggatgacagcc ttgaggtctct atcacccctt cctcttgccg gaggacaatat ggtgttgaca 900
ttggtgttgct gcttcagag ttgctctgtta ctgactcagt gaaaccttgct gagcccatgg 960
aacaagaatcc tcttcagcaaa caaagactag catctcaaaa tcccttgcaa aaagccaagc1020
ctggcacaaca tcttccctcaag ggaacccatct caaaggacccct cttagctggcc1140
gacactcaaa tctggccccc cttagccgag gaaaggtca gttccaatgg gcttcacaatl140
ggggagggcca taaggagctg cccaagttca ttggtttcc ctttagaat ctcggtcca1200
caaccacaggt catatctaaag cctgaagaca aggaagaca ttgcatatac acaagcagac1260
tagccatggg cacaagagca gcttcacatg gaaagtctaa ggtccatgag cagacccctg1320
ggggaaaggc tctgaaggag aaccacagttg acttgccctg cacaagagcaaa aaggagaa11380
gcttggaatg ctacatggac ccccttgagac tatcatatat acctccctag gccaaggaa1440
cagtgtgccc tctgtctctg ttgagctccg tcatatacat aggggaactg gttttagac1500
ctgatgagga agaaatggc cagggggagaa gaaagyaac tctgggaaaa tatcagaaga1560
caaatgttga cacttgata cccaactctg gtgaataact accccctctt ggcacaaggtg1620
ccatacctgt ttcttctgt gactgtagag acagtcttag accttgtga tagaaactaa1680
atgctctctg tactctagtc tcttgccccc tcaacctctg aagtaattta gtaggaatl740
agtggagtc cagcttgga ttgcttaact aaccttaact aatccttaatl800
aattaaact ttgatttgt aaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

ccggatctcg cctccgggg agcgaattgt cctcgggag ggccgggag ggccgggag ggccgggag ggccgggag 60
taaccggcggt cgttcgggtcgg gacggcccttg gtcagttctggc agcgggtctggc agcgggtctggc agcgggtctggc 120
tccggttgccg ccattgtcgtt ctgcagcttc ttccggggcg aggttttcca gaattcaactt 180
gaaacctggcg tttaacctgtg ttccaaagt ttgccaagt ggctatatgagc ttgtctccag ccgcttcgaag 240
tatgacaact cgtctccatg gccggcgctc accgagacca ttcaacggccga cagcgttgcc 300
aaagctcccg agcaaatag atctgaagcc ttgaaggtgt cctgtggcaa gttgtgcaat 360
gggtttggcc acgaattccc gaaatgagcc cccaagccgg ggcaagtccc atctctgccc ccaaggtcac 420
ttcagcagct cgttgaaagt ttgtccctaaa ggcaaaagaa cttctgccc ttctgtgccc ccaaggtcac 480
tagcggggca gcccaacccc accccaagacg gccaccaaac ttgaagccaac ttgaagccaac cgttggccat 540
tccaacctgg agtttggaacc cctggggtcgg agacaaggaag gcaaggggcgca gttggttgaaa gttggttgaaa 600
catcagagca ctcacaagcg cccggctctg aacaagacct ttctgttct ttgaaaaagag 660
accatttgc accatttgc ttgatttgc accatttgc accatttgc accatttgc accatttgc accatttgc 720
gtcggctgac ttacggccccc gctcaactca gttgccctca gttgccctca gttgccctca gttgccctca 780

gctgggtctct gaatgacgtt acaccctcac cttcttttcc tggccctgac tctggactct 840
 ccctgtgag gcccaattcc aagacagact ctgtcctca ccgaagctta ggcccacatc 900
 tcccaggctg cttaggagac agaattgaaa cggaggccgc ccctgccagc cgccctggcc 960
 ctgggtactg catgatccgc tctgggtcaaa cccttccagg ccagccagag tggggatggt1020 5
 ctgtgacctg ctgggaaggc aggtgatgg ggcacacct tggcctctcg tccacgagg1080
 gagaaacctt aacctgttt cacaatctgt gcggaagtag cttgcctcac ttctgcttag1140
 gaaagcggt gttgtccat aactctaacc agcacagggc tgaggcctgc agtgcacacc1200
 tgcaggagg cccttccaa ggtgtggtga ctgtgcctta ctgtacatgc tcggaggcct1260
 ggccatatag gaggtgggt gatgctgaaa tcaccccca tcttaagtaa ttactttctg1320 10
 gagtaatcag gtggaatcc atagacaaat gaaacattca gatgtaaaa aaaa 1374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1234 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

cttgggaagc tcctggatct ttgtcaacct gactgtgcga ttctgtatct tgggaaaaga 60
 gtccctttat gacacattcc atactgtggc tgacatgatg tatttctgcc agatgctggc 120
 agttgtggaa actatcaatg cagcaattgg agtcactacg tcaccgggtc tgccttctct 180
 gatccagctt cttggaagaa attttatttt gttatcatc tttggacca tggaagaaat 240
 gcagaacaaa gctgtggttt tctttgtgtt ttatttgttg agtgcaattg aaattttcag 300
 gtactctttc tacatgctga cgtgcattga catggattgg aagggtgctca catggcttcg 360
 ttacactctg tggattccct tatatccact gggatgtttg gcggaagctg tctcagtgat 420
 tcagtccatt ccaatattca atgagaccgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480
 gaaaatcaaa gtttagatttt ccttttttct tcagatttat cttataatga tatttttagg 540
 tttatacata aattttcgtc acctttataa acagcgcaga cggcgctatg gacaaaaaaa 600
 gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttag atggcttctt gccagtttga gcctaactcg 660
 attcttacag ttttaccttc ttgaaccaat gtaaaagttt ttttaatgtt aaatgattaa 720
 attctcagtg aggtatctt ccttttcccc agtaacattc ctgaatttac tgttatctta 780
 ttgtagtact tgcattgacat ggattcctga tatctgatga gaggttcatt cttgtgtatt 840
 cagttaatga caccaaaagg ctcagccac ccaacccta tctcatgttc agtctgtcta 900
 atacatgcca gagatttttt tttcaaaaag tgctttatcc ctacaatgta ctgacagtgc 960
 ttacagttga gatttgttct tttcagctat tgcttgtgaa aaaaagcaag actatgtcac1020
 tctatagaag gctgttaaag tgactcaggc aggaattaat tattctgtac ctaaggggtt1080
 acttgtttta tgggatggca ttgacttttt gaaaatcaag tggactgagt cattgataaa1140
 acatttctaa gagtggggct agagaacata ctttacatct gacatccttt ggcctaacaa1200
 catctattat tatagtgtc agcagtgtgg gcattgaaga ggcgagaat gctttgaaag1260
 aaactaatca gaatcttggg acatcatgat catgccattc ttaagtaaact caactatttt1320 65

caaacactgaa gaaaatgaa acattatta gacaaaaahj agtttaacag tccaaaactc1380
 agccaaggaaat gttygcctacaa cctgtaaatcc cagcaactttg ggaacaacctag gttyggaagcat1440
 cgtcttgaaagc caggaagttca agaaccaagctt gggcacaagta gttggaagccc ctatcctcta1500
 aaaaaataaa aaaaattagct ggggtgtgtagtg gcaacaacact gtttgtccca gctactcaag1560
 aagcctgagat gggagagatcc ttgagctcagg aggtccaagtc tgcagtgtagc cgaagtattgtg1620
 ccaatgagcat gacgacctggg ttgacagttg aggaacctgt ctcaaaaccaaa accaaaacca1680
 acacacacaa acacacatac acacacacac acacagagtc caaatgttag caggtatcca1740
 aagggaaacac agtatgttagg tcaaaacttggc agtaacagtg tcaagacctt gacaaaactag1800
 aaatatataga gttaggccaa cacaacctca aactgttaagg ctgttgcaaa acataaaaaa1860
 ttgcaagccct ccaactcctg cacttgctga gtccattac ttgtgtactt gttcctagtga1920
 gttggttggaac ttgtaaatcc tcaaatagac ttcaattcgc ttgcgttcag1980
 ttgctctttt aacctgtct gcagttagac actgaaaaca gcaagaaact cgggttgaa2040
 accgcctgat cctttaacaa ggaatttctgg caggaaaactc acaaaaagga gaaactgaaa2100
 tttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctcctcataa tccaagttaa2160
 accaagttaa ataatgttg gagtacaact ttgataaagg actcaatgag ttaatactat2280
 ttctctgtct gccatcccca acatccctgg gggaaaggag actcaatgag atctgattaa ttagagctag2340
 ttcaatgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaac atctgattaa ttagagctag2400
 ctgatttctt aaaaatcgt ttgcattgaa gatatttgc atgtctgtaa caccgttcaa2460
 taacttgttg tatgatcttc ttgatattct gcaactgac acgtgttaac ttggtgatat2520
 gctttgcagt agtatctgt gcatccctgt ggcataatc ttgatctta gtgattgtta2580
 caaacccctt tatgtctgtc ttgagaaagt aagattgtg tattctcat aaaaacttta2615

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

gttggcagaa acccgatc cgttccgtt gggccctcat cagcaagctc cagtgctacg 60
 tgtccctggc attttagtg ttcggttggt aggcagtcac ggtcagtgta atgcagtttg120
 ttgaagccaag tcggcaggtt gtaaaaggact ccatcgggc ggttaaaaga tgcacctaaa180
 ctgatagaaa agaatccag aagattgcca tggcaacagc aataggatct gctataatgg240
 gattcattgg cttctcttg aaattgacct atatccctat taataaacatc atgtttgtg300
 gctgaataca ttctggaaag aggttttcca tcttagagat tggtagaaca gtgtgagggt360
 gtgaagaaac cacaataac aatttgccct gtatgtcttg tgggtttttt ttttctctt420
 caagatgttt tcttttcta aattaaagta attcaaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
 cgcggccgcg_aatttagtag tagtaggc 508

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ggaatcccat tttgtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaagggtta tgtctcttcc ctgaagcttt gtttatagtg gtaatttggg 180
gagttttgagc tttgagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaatgctga agaaagtgtc tttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
taggtttcct tttgtttata tccccagttc ttaataactaa aacttatttg acttcctatc 420
aggaagcaca caaaaaaagc gtcatttaaa accctggata taggctttaa aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccaggttca tcaccatttt gatgtgctac ccaccttcc 540
accctccctt tctgcccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgtttcag agaacattaa ttcttgtata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
cttccagcca ggcatttaga tcaactctaa gcctttgttg aattctgagg aaaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc cctccctgt aggggtgggc 840
gcgtggctca gctttggaaa atcattttgc cagtaatat gctgtgaat ccctttaaga 900
agtcgtcctg atctgagcct gtctttctga gcacttttgt gctgaattga aaatggtaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaa 1020
agtttctcag gttaaacctt tgtctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact 1080
aatcagtggt ccaaggggata tctagctttg gttactcagt tctgcagca taacagatat 1140
gacttatgcc agggaaggta gaggtgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag 1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc 1260
aaagtgtgta agtaaaaagg agacttgag ggcctttgct taatgagcaa gaggcttggt 1320
tcttccaag aacatgaggg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgc 1380
cgctcaccoc atccctcgtg actgggagca tgtttgctca gaattttcta agaggactct 1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgttttagc ctctgagaat ctactcttt 1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcaggg atcagaaaaca tcagagtcca 1560
gggcccagtg gcatgggtgt gcattagtag ttagaaaagt aattggtcag ctctactgt 1620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat 1680
ctgaagactg tcaaactggt tgataatcaa agaaaaggtt ggtggttaga ataagtaaaa 1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaaggaagt caagaatatt 1800
tcaggttggt gagaactggt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg 1860
tgtatcagag agagggaagt gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc 1920

```

cagccctcca ttccaagaac ttgtctctcc atccatcca atgacatggt caggtatggt 1980
ctctgaggaag gcatgtgagc cccaacctgg ttgctcca. tgh,tjgtgt agtctccaac 2340
cagcttaagg gtttctaagt ttcttcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc 2100
atcagaagg ttacatccct tgggaacctc taccctatba aagaatgaa ctagtgtgct 22160
ttctcccttc ttccagtggt gccatccata tacaatctcc tcttgccaa gttccaacaa 2220
tgtrttccagg gaaccccggt ggttgaggca aagttagcca gatgtattga gttaaatttt 22280
tctagaggac aaaaagtatt ctgttccctt ttccctcatg ctcatattgt ttagctgagg 2340
cgtaaatgac caagttagat aatatctgtg gaaatctgac agagagccag ggaacctatgt 2400
accaggggac cagtcacctg gggaatcca cagtgtctca gactagatg ctctaccga 2460
ccagaaatct gctgctgttc atttccatca ggaacccaag ggaagcatat taagttagct 2520
ttctcatcat tagttcaact aatctcttgg gtgtaggat ggaagagcat atagatctcc 2580
tgttttagaa gtgtgttcat aattgttaga aggttagaa aatggaatca ccaagtgct 2640
gtgtcatatt ttcaagagat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat 2700
ccaaggaatg gtgcttgttag ggaagagag gtcatgttgg gttccttaac ctcttggaac 2760
ctgtgtcggg ttataaaca agtagcttga gtaaatgtg ccttaacccc aatccaatg 2820
ctgttccagg tttagggct acccaacctg tgttatatg gtgttgggtt ccatrttttg 2880
ttgtttgct tgtttccaat atagcttgc ttgttactgc atggaagt caagctttc 2940
ttcttgcccg ctcaaggctg gctctccc cgtgtctca caggtctcc aaggaagt 3000
tttgtagaac tctctggagc tgaagggtg gaaatgtgt ccaaggaagg cgaagga 3060
tagtttctc gtttcttt ctcgaggtg atgtctctag gcttctca cactcctc 3120
tcatgtgtgc ggtgtcagt acagtcaagg tgtgagagag ggtctgagag aaggggca 3180
tgtrtccagcc ccaagtttg tctgagcag gtaacagca gataccatcc cacttccc 3240
tctaaagaa aggcagcca catataac ccttccca cttaactat gtatccct 3300
ttgtgtacca gcaatggagg acagtggagc ttacccctg ccatctagag agaatgt 3360
tatcacccgt aaaaacttga caccctcata tccactctc ttgttaaaa acaatgct 3420
aaacctgtga gcttgcgt ccttctatg tgtaatcag ttctctca tttagctgt 3480
gtggagggga aggcattga aattgtaggt tgtatcttg tgcacacaa taacaccaa 3540
3588

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

tggtggtgcgtt taaataacaa atctgcataa gttcagcaac aggcagctga ctgatttct 60
cgaacctgctg ttgtcatgaa gacctgtcaa gaggaaaaat tgatgggaca ctgggtgtt 120
gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttgagca 180
ctgaagcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaacaa taaagatctg 240

ctgcctagac tcacccccat cttaaagaac agacatgaaa aagbacaaga gaattgtatt 390
gatcttgttg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatecgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca catttggtta tattgcaaag gccattggcc ctcatgatgt attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag tttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttcacccctt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tatattggtg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttgt acacagacag acggctagtg cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttggggttt atggatttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttgttgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatggggagc cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccgga aagtcagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattggttcc1020
caggacgctc tcatagcaca ttacccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
atccggttaa tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtggtttat tttgggtggt1140
aatgccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
cagatcagtg gtgactgg 1218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

gtgctcaaga agtgccttga gttgggtgac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
caggttttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt tgtagtacat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgttag 180
agtgcacaac aaaatcacta tcccattaga cacatcatca aaagcttatt tttattcttg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtgttcttg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggccct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaatgtaa acttctaaaa 540
atatgggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg ataccctttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaatgtca attgttttaa acttaaatc cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
attgtgtata taatgtttta tattgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaatggt actgtattgt ttatatttgt 900

acccaaatatg acatcgctcg tacttctgt ttctctgtat gattttgtc agattctt 960
 agctttatc agtataatc ctgccttta agatatgtc agaaatgtc catataattt 1220
 tccattgaaatc tgaagagcc ctgaagagcc tgaattgtat gtaataatcc aaaaagtgt 1080
 ttcccatatg agtttttata aattgtatat tgaattgtat gtaataatcc aaaaagtgt 1140
 aatatagaaatg tagaagagtgt atgcttatgt taagtccata cactacagta gaagaaatg 1200
 agcagltgcaa ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1260
 atacgttga atgaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(I) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2333 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(III) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(IIII) HYPOTHETISCH: NEIN

(IIII) ANTI-SENSE: NEIN

(VI) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(VII) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(XI) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

tgaaaatgc gacagtata ttcaagaag ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
 actagaaatg gttagcagat ttgaaggccct gacagacttc tcagatacgt tcaagtgtga 120
 ccgaaggcaag tcggaatgaat atgaagatat tctctgttgtg ggaagtctcctt 180
 tcgatatctac cctctgcccag atgaacccag cgtgcagacc cctcccagac agtttccggga 240
 attaacctgac agcgttccac agaatggcac agaatggcac agcgttccac agcgttccac 300
 gtcacagccc cagcccaaca atggcccttg tgaacccctac ataaaaataa cactgggcaaa 360
 aaaaagtcat gaagaccag atcatacat tccaacacat ctcaacccag tctttggcag 420
 gatgtacgaa ctgaagctgc acttaacctc agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
 ttatgacacc tttaaccggg atgaaaaagt aggaagaaaca attatgtatc tggaaaaaccg 540
 attcctttcc cgcctttgtgt ccaactgtcggt catlaccaagag gagtactgtg tttcttgagt 600
 caatatctgg cgaatgccaaac tgaagaccaaac acaagctgctt caaaatgtcgg ccagattcaa 660
 agccttccca ttcccgagga tgggagtgtaga atccctgcac cagcacctcg gaggccctga 720
 ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatccctgcac cagcacctcg gaggccctga 780
 agagcgggctt gctcttccaa tctccagac tcagggggctg gtccctgagc acgtggaac 840
 aaggaacttg cacagcacct tcacagcccaa catttcccaa ggaacactc agatgttgt 900
 ggatgttttc ccgaagagt ttggggccac aggcctcctt ttcaacatca caccgccgaa 960
 agccaagaaa tactaccctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggaactta tcttgacga 1020
 gaaaagcatc acagggagag aaatgagtgga catctaacgtc aaaaggcttga tccctggcaa 1080
 tgaagaaaaa aatcagfaaa cagatgttcca ttaacagatc ttaagatgtg aagggaaatt 1140
 taacttgccga ttgttttcc cgttttgacta ccttcagacc gaaacaactc gtatcgttg 1200
 gaaaaaagag catctctgga gtatctgaaca aacggaaattt cgaatcccaa ccaggctgat 1260
 catctcagata tgggaacaatg acaagtttcc tcttgatgac tacttggtt tccatgaact 1320
 tgacttgcgt cacacgatat ttccctgcaaa atccacagag aatgtcaggt tggacatatg 1380
 tcggacctc aagcccatga acccccttaa agccaagaca gccctccctc ttgagcagaa 1440

gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500
 gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgaagaggag gccgacgaga ggcagccgg1560
 gaaggggcgg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaatc gaccagaaac1620
 ctccctcttc tgggtcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcatcgtgt ggcgcccgtt1680
 taagtgggtc atcatcggtc tgctgttcct gcttatcctg ctgctcttcg tggcgtgct1740
 cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
 gcaaaggctt catttcaaga gtcatccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
 atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
 gcccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
 atcatgttat ctcttaagta taaaagttt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
 aaatatTTTT caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100
 tctagacttc agcttttgga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
 gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaaatc agttagaata2220
 gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgctata ttttgtagg atgtcataaa2280
 agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatgtt tcacctttaa aac 2333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1377 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

cattactgtt atatgagaaa catttttagta atttaataaa aggataatgt ttatttataaa 60
 aacctgactt ttccagagta attttgtttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
 ttctataatg caaatcagag ttaaataatta aaaatttgtt aaatacaatt gacataggaa 180
 ttacattaaa atattaggaa gaaacaagga caaatttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
 agcttacttg actttcaa at ggagagatga tgaaaaccca ctcatcagc ctttcagaac 300
 aaaaagacag tcatctgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360
 catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
 caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
 ataaaacttct tgttcaaat accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540
 atttatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcata tccaccaataa 600
 cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtgca 660
 tcagtaaatg tgttattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtaggttt tccctgtagt 720
 tcttccttta tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaaa actatctatc 780
 ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
 atttgaggag tgggctgtct tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
 tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960

acacaaaat aagcctgtgt caaagatttt aaaaatcatgg aagattcaaaa tctagcaaaa1020
 ccttagagaa ccagccaacc aactctctca ttttccaggt gaaagtcttc tagacaga1060
 tacttgccca agatcatcca ggaacggaaga caagaatcca aatgtaacttg gggaacaaga1140
 ttagtccca aatcatgtgt tctccctagt attaaacatt gcccttccg acaaatcttg1200
 gatttcaatc ttgttatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttaact ggtagatga1260
 catagaatg tagatagcgt gcaagcctatg atagactctg ctaagacatg tcccaagtgt1320
 ccagcagcaa tgtagatag tgtgacagtg gtcagttaga agttataaag cagagta 1377

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 315 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

40

ataaggaatg agaaagaagg ctgtgtctta tcaagttagtg agatggaaat ggtccctgta 60
 gtgttgagagc aggaacagga cctagttctg atgctgtgtg ccttggat agtagagcac120
 cgggttaaac caccacacct ttaggtctact ttaggtgaca acagaagtaa atatttcaa180
 ttatttaatt tagaaatgta tgttttctag gaaccctgcaa tatgcatgta cagaattaat240
 aatttact ctttggta agttatacta agcaaaagcc agtggattca aaagtgaagc300
 attgacaggc cattt 315

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

15

```

atgatcatgc cactgcactc catcctgggt gacagcaaga tcttgtaaaa aaaaaaaaaa 60
aaaaaaccag gagtgaataa ggaagtaga aggcagctgc tggcctagat gttggtttgg 120
gaatattagg tgatcctggt gagattctgg atccagagca atttcttttag cttttgactt 180
tgccaaagtg tagatagcct ttatccagca gtatttttaag tggggaatgc aacgtgaggc 240
caactgaaca attccccccg tggctgccc gatagtcaca gtcaagggtg gagagtctcc 300
ttccagccag tgacctacc aaaccttttg ttctgtaaaa ctgctctgga aataccggga 360
agcccagttt tctcacgtgg ttctagctt cttcagactc agcccaaatt aggaagtgc 420
gaagcacatg atggtgaaaa acctaggatt tggcagcctt ccagaatggt atggaatctg 480
agggaagatt tatgtttcgt ttggaggat agctcaagtt gaattttctt tccagccagt 540
taccttttca acctaccat actttgtaca actcttacac aaatacttag atatttatta 600
gatagccctg aattcactct aattataaac agggagtgtg aactgcccc agatgttcct 660
gggctgggta aaagcagctg gagtgaagca ctcatthttcc ataaaggtaa caaagggcag 720
ctcagtgggt actcaagctc aaaagggttt ttttaagagc aagcattggt taagtctgtg 780
tatactgagt tggaagtgat ttcagcacat tcttttttag tggagtgaag gtctgaagc 840
ccctttttaa ctctctcttg gtttttcatt ataattggtg gccatctcat gaactgtctc 900
tgactgttgt ctctttgttg tcatgtgatt gtgagcttgc tttctgactt gcatttctga 960
ctttatcctg ttgttaggaa gatagaaact aggttttgaa agattacatg attcaagcga1020
gggattttta agtaaaagtg tatttattct gaagaatcta aaagataaca gattatttgc1080
ttatgaaaga acaatatagt ctgggaatcc cagaatgtca agccaaagggt ctaagaagtc1140
atctccttca aatactttaa taaagaagta ttctgaggag atatctgtcc aaaaagggtt1200
gactggcctc cagattccag ttatttttaa aaagcaactt accactaaat ccttgagtct1260
ccatagagta acagtaaaga aactgatgta acagactctc ctctcaaagg atctcctctg1320
gaagagacta tcagcggcag cattctccag ggaagacca tcccctagtg ccagagcttg1380
catcctggag actaaagatt gcactttttt gtatgttttt gtccaaatgc aatcccattt1440
ctgtgcctct tagcatgcag ttagatttgg acaacaaga ttcctaagga atgactttat1500
taactataat atggttacag ctattatata aatatatatt ctggttatag ttctaatatg1560
gagatgttgt gtgcaatgct ggctgtggt ggtctgtgta atgctttaac ttgtatggag1620
gaggccaggc tcagagctga gatgtggcct gaaccttccc tgtatcgatc ctttaattta1680
gaactgtcaa gatgtcactt tctccccctc tgccttttag tggatatcga catatactca1740
aaacagtaat ttctgtgtca catcataaac tgctaattct gtatttataa agaattttca1800
gatggacatg tacaaatttg aactcaaacc atcccagtc cagatacagg gcagcgtgta1860
ggtgaccaca ccagagcctc agcctcggtc cttctcagcc gtcgggatag gatccaggca1920
tttcttttaa atctcagagg tagcagtaaa cttttcagta ttgctgttag caagtgtgtg1980
tttgccaata gataccatt atactaatgt gccaaagtaa tgttcattgc acatctgctt2040
ccactgtgtt cccacgggtg ccatgaagtg tgtgaggagc ccctcatctg gagggatgag2100
tgctgcgttg actactgcta tcaggattgt gttgtgtgga atattcatct acataaattt2160
tatatgcaca gtaatttccc tttttatatg tcaagtaact atttgtaaaa gttatactca2220
caaattatta taatgattac taatatattt ttccatgtt tcattgcctg aataaaaaact2280
gtttaccact gttaaaaaaa aaaaagtaaa aaggaggag tgggaaaaaa aagctggggg2340
gggggcccgg tagcc                                     2355

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

65

5	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
10	(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:	
20	(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105	
30	atctcgagcag agcatgaagac atgcctcatct. taacctaaacag taacaacaagta tgttttgata 60 gatatactgtt aatatgcttta tagtggtaag aaatgggaact gaggtccacag gagattcat 120 tttatccacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aatatacataa cttccctaac 180 tttagttaggg catgttccatg aatatccaat ctttgatgc tggagcccaag agaggaagaag 240 ttgttagctaa atgttgattt actataact agacgtctat gtgaagaaaat atatgtaaac 300 atatataaga tagcaggaag tcaacttttt tatcagggctt tatctcctt acaagccac 360 agtttaacag tctgcaacag ttggttttag ttaatgatatg acaatatccc agtgytttgt 420 acttttcca actaacactg taatgatataa ctttccaag tatatacatg caactcctg 480 gcttcattcc catgaagctg ttccaatataa ttcaatatataa ttgttcctta atgtctgttc 540 tgttaacaagt gatccttctc tttttttctat tcttatatac tcattagttc atcataaatc 600 tgtccaagt aggcctcag agccaagcat gattcatga ctccgaagta tttaacagaa 660 acaatttta aataaggga atatattata taacagatgg ttcaacaagt atggtcata 720 gctagttttt tttttcttc taaaaaatgt caggttttta aatcattta cctatta 780 atgaagaatg ccaacttaa ctttaag aagacctga cttgctttt cctattag 840 actgttttg tacttaacta atccttaaac tatcagaaaa aaaccacaaa cttatacca 900 atgatctagt aatttgagg catlagggtag cttaaggtagt ggaagtagt ccaaatatc 960 tcttcaaatg ccaacttctc aattataac taaaatagtg ttaactgact aatccctcgt 1020 aatrtgatg taagatctat atagccccc aaaaatgatcg tagtaaatgc cagtcatcttc 1080 tcatgtaaat aaagtaataa ccaaggtaca ttatgggttt tatggcttc tttagta 1140 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaatatgaa tcttatact gtatgttaa 1200 atagaagcact taacctgaagt cagtggcccg gatcatagcc ctggtcatc tccagctcgt 1260 tccgtgctg ggtggaacct ggaacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttc 1320 ctgttcccaa gtgcttgt	1339
35		
40		
45		
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:	
55	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 3751 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
60	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
65	(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN	

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

gatcgcgagc ggccttttga atctatttgc caaaagaagt ttcatTTTTg ttacttagac 60
 ctaagatcac ttattaaaaa tccttatttt ctccaagccc agcaaagctt gacttctggg 120
 caaacctgaa aacctgaaaa tgccactttc atgcagtttg tttgaagtta agtggaaatcc 180
 tttcaaataga cgagctgcag agaactcagc accaagggct gcctatctgt agatagctgt 240
 aaaatggaat atttttaaat gaaggcaaat aagtacttaa aagtgcagctg agcaataaaa 300
 tgggtccaata ataggtaaat gcaacagaaa cagaaggaga cctgggtgcc ttatgccttt 360
 actcttacat ggaataaatt cccaatgcat atcctatgta aaccataagt gaagggaat 420
 aaacctcgtc atgctccatg ctgtgaggtg tcctttggat attctgtgat gacagagaag 480
 cctattttgt tttgttttca gcatctttct ctgatgtacg tttttaagga ttttgaaga 540
 gctgttttca gtgttttaaa tagtgctatt tttccttggt tttaaaaatg aatctcgtac 600
 tgtatcttac tatgtccata cagatgttac aaatcgacag ttttattctt agactcatgt 660
 gatccaagct gtatatacca tatataaaca ttttacatga atcatttagt tttttaattc 720
 atttactaat gctataaaat ttcctatatt accccagtaa ttgcatcag ctgggttata 780
 tactaaagca acatgttttg atgagtttct tacatcctta tcgaggaatt gggttaggaa 840
 aaaatacata attgtaaaaa tgagtttgct gtattatact tttttctctg agtattagt 900
 gtattactaa tcatatgttg attaaactgt tacttaaaat caaggtacct gtatttttaa 960
 tccactaatt tttttttagt tgggaaatag atttcaggtc ttttattaga ctaacatttt 1020
 ttgagaagta aaattgactt catatacaaa gcctgtaatt ttaggcgaaa tgggaagcaga 1080
 aatctaggaa gttgtgcttg ctgtatgttt gagtttggtc tcagactaag taatgcatcal 1140
 gaattcatct gtttgaaagc tgaataaatt taggactctg attcactgac caaaagtcag 1200
 tgttgagagc atttctctac ccctgatggt attttgttag attgttcaac aggaagcaca 1260
 tgattgagaa catcttggga cagacaaaaa ccactgacag atggcaaggc tcggcgattc 1320
 tgatttccct tctcaaatct gctcaactcc aagagtcttg agaaactgct aaaattttgc 1380
 ctctgtcact caagtcttac aaatgttatt ttgtaaacct ttgaggtgaa ctattccact 1440
 gtctgttaca taggcatctt attcactgca ccctgtcaca cccagcacc cccgccccgc 1500
 acattatttg aaagactggg aatttaattg ttaggagacg taaatctact tctttttcca 1560
 gggacgactg tcccctctaa agttaaaagt aatacaagaa aactgtctat ttttagccta 1620
 aagtaaaggc tgtgaagaaa attcatttta cattgggtag acagtaaaaa acaagtaaaa 1680
 taacttgaca tgagcacctt tagatccctt cccctccatg ggctttgggc cacagaatga 1740
 acctttgagg cctgtaaagt ggattgtaat ttccctataag ctgtaaatag ggaggattgt 1800
 tgggttcatt tgagtaagcc ctccaagat accattcaaa taacctggga gaatgtcata 1860
 aattattcag ataatttaaca ctgcatgaat ctgattcaga ggcatgcatt tacatatgtt 1920
 gccctaatta ccatttgatg atcataaata caagtgaatg acattggact tttagtaaca 1980
 aacttaattt ttaaaaaagt gtagacaatg gtgggttaaa aaaaaaaaaa aacaggtacc 2040
 aggttctgtg tgtttgcacc aagtaattga catgtttttt gtttaataca tgtggaccat 2100
 gaacagtatt cattctactt tttcaaatga tatgctgtag aaaatattcc ttgaagatgt 2160
 gagattttaa aatttttccc tttcaatggt gttttaattg tatttcttac ttgggttttt 2220
 tgattgatac cacagtgata aatcataata ctagacaaaa ttgtcttctc tttcaaacca 2280
 gagccatata tatgtctgta tatatgggac ctactgcttc tctgaggaaa tgcataatct 2340
 gtaaatatca gacaaaatga gcaattggca gtgctcataa tatattccaa tttttattgg 2400
 aattttcgat ggaatgttat ttcaataaag ccatgtaagg tgaaactttg ataacttttt 2460
 actcttcaag ttagggtaaa ttctgatcca atattcaatt catttgtgta ctcccacatg 2520
 caaaatgcta aattacaatg cagacattaa gaaaaagtat tgactggagg ggttgaattc 2580
 cttgagaatt tattttatag tctaaatcac aaatacttta ctcaatttag tttttaaaat 2640
 agtaaaactg atatttttgt tgtaagccta tcagagtcaa tccttcgttt ggaattgttt 2700
 tcctgttttt ccttactata aatcatttaa aaactgaatt cattttctta gatggcataa 2760
 gtctgtctct tgagaaataa gtaaaatact cctattttca gtatctgtag cacctgaaat 2820
 aggtctttgt atagccagaa acaagttatg ttgaagttag cttttctttg tcaacagttt 2880
 tggacaataa aaactgaaa gtattaacac actggggccc ttcaaaactg 2940
 gttggaagaa attcaaccag aatatctaca tttagagtata atcatgtgtg gtaggaagat 3000

15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:	
	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	(A) LÄNGE: 300 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
5	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
	(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN	
30	(iiii) ANTI-SENSE: NEIN	
	(vi) HERKUNFT:	
35	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
	(C) ORGAN:	
40	(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
	(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107	
50	cgctcgcgcc ccgcggagag atcgaagtg acttgccaa gactctgcyg gaagaagctgt 60 atctatgtca gtaaccctgtg cgtccagacct cgaatgacctc cgaatgacctc cgcaacctct120 cagccaagat cagcccccag cagcagaagg tagagcttga gatggccac gaacacctga180 acccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agatgagcgt gaacgttgac ggggcctgcg240 ccgacggagc cagcacgtat tcctcggaagc tgatggacaa gcaagacctc tgcctctccc300	
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:	
55	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
	(A) LÄNGE: 1465 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
60	(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung	

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

gccaaccttc cctccccaa cctgggggcc gccccagggt tcttgccgac tgcctgttcc 60
 tcttggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaacctaa ttctcctgag 120
 gctgaggag ggtgagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
 ctaacagtac ccttagcttg ctttccctct ccctcctttt tattttcaag ttctctttta 240
 ttctccttg cgtacaacc ttctccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttaccgccc 300
 cgccacctcc ttgtacccc actcttga aaacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
 gccagcctca tctcctttct tcttagcccc caaaggccct ccaggcaaca tggggggccc 420
 agtcagagag ccggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
 cgtggcttgt gccatggctc tctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
 ggtgagccg ctgcaggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
 gagtctcccg gacgagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatccc 660
 gaaaaggaga gcagtgtca ccaaaaaa gaagaagcag cactctgtcc tgcacctggt 720
 tccattaac gccacctcca aggatgactc cgatgtgaca gaggtgatgt ggcaaccagc 780
 tcttagcgt gggagaggcc tacaggcca aggatattgt gtccgaatcc aggatgctgg 840
 agtttatctg ctgtatagcc aggtcctgtt tcaagacgtg actttacca tgggtcagg 900
 ggtgtctcga gaaggccaag gaaggcagga gactctattc cgatgtataa gaagtatgcc 960
 ctcccaccg gaccgggccc acaacagctg ctatagcgca ggtgtcttcc atttacacca 1020
 aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaaggcg aaacttaacc tctctccaca 1080
 tggaaccttc ctggggtttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg 1140
 gaagaccag gtgggtacat actggagaca gccaaagagt gactatataa aggagaggga 1200
 atgtgcagga acagaggcgt ctctcctgggt ttggctcccc gtctctcact ttccctttt 1260
 cattcccacc ccctagactt tgattttacg gatattctgc ttctgttccc catggagctc 1320
 cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tgttcagacc 1380
 tggtcggggc cactggaag catccagaac agcaccacca tctaacggcc gctcgaggga 1440
 agcaccggc ggtttgggc aagtc 1465

20

25

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

cgagccggagag agcagagatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttgcc tgcgcgcgcg 60
ctcggcccccgt ttggcccccggac ttccgggcgcct ccggaccgcctc ttctgcacagc gcttcggcga 120
gggggctgtgctg gaggcgcggagc ttgcctgagctc cggaccgcctc agcgtcgcgc cctactacct 180
ggcgcgacacc agcgtgagcgc ttgcctgtgc ccaggttgccg acggaaccgc gccacctttc 240
ggtagctgtgta gagcttgaaagc acctctctcc ggaggaaatc gctgtcgaag ttggtgggcga 300
aacagttggag gtgcacgcgc gccacgaagg gagcccgag ttgcctgtgat tgcgtcgcgcg 360
acagtctcac cgtgcgtaca gccctgcgcgc ttgcctgtgat ccggtcgcgc ttgacgtcgcgc 420
cgatccctca gccacctcct ggatctctgc ctgacctcca tccctggcaac ttgccttgata 660
acatagaccc ttccactgac accctcgcct tcagagacccc tccagctttc cgaaccacca 720
cgacaacctc ccgggtctcc agcaacctac agcaacctac agcaacctac taacccctcag ccgaacagtc 780
cagccccaac gagccaactt ctgtgcatac agccccaact aagaacctc ctactctc 840
ttcttgatcc ttacaaga catcccggtc ctacattcc atccctccc tatcttgaca 900
ccaattatgg gtgtgtagacag cccttgcccac acccagggcc agtcagggac aatcccccga 960
ccccccaac gtcttgagct gccacgaact ccactccaag accatccaag cctggtccc 1020
aagaaccgat ccttcccttg caaccagaca gtctacaact gcccccctca gcccatcttc 1080
ttgcgtgaaa ccccgccagc ccacacccaga ctctggaaac ctcttcgac tggcccaact 1140
cttgacacc aggcacaacta gaacacccaa cactcaactg tacagactc cccaccccaa 1200
ccctcccgag ctctgcacgg atgtccctag cccctcctcc aactcctaac agaccccatc 1260
cccctaagtc ccttgtctc gagcccccag tctccaaca gatatactcg gcaaccaca 1320
tcccaacctc cctctctc ccttcaagac ccaactgagc accgcctctg atccccaca 1380
gaccttctcc ctggccacac tcccttagtc ttcccaaggc ttactctccc aataaatgtg 1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgg ccggactt 1488

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 783 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

aacatattgt tgaaggttaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag120
ggaagaattc cagggtagtg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg240
atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat300
gccttactct tcttgaatt ttaacctatg atattttctg tgcctgaata tttgttatgt360
agataacaag acctcagtg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa tagggctaa420
ctcagcaact cgcttttagt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
ctagtgttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540
gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtatggtt gacactagcc caatgaaatg600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttctg ttatttttca720
agaataatca cgctttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
gct

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

tctgtttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcggc caccagccct 60
acccccgctc cggccacttt ccctggacag tgccctcgca ggagtactca caccgcctcc 120
cgccacacacc ctccgtcccc cagtccttcc ccagcctggc ggtagagac tggcttgacg 180
cctcccagca gcccgggccac caggatttct acaggggtga tgggcagccg tccaccaaac 240
actacgtgac gagctaacgc cacgcaggcg gcggggcgct ggggaatctt cctccccagc 300
ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttcttc gcctccccctc 360
ttctcatttc cattgccccca ggtcttttcc ttttgattt tggtttggtt ttggctttgt 420
ttttgatttt tttttattat gaatctcctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
ggccaggacg gcaggtgcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
ctctctgttt ctctttttt cctctactcc ttcccttcca cacccttg gctggaagga 600
acctcggtt ccctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccaccg ggaggaacgc 660

```

cgaaggcccc gggttggttt ctcctctgtt ttctcttg ggcagttcga tcaantgacg 720
agtaaggaaat gacctttaga ttgtgcgact ttgttttttg tcttcttaaa tttrtttaa 780
ccaagaatga ttctcctgc ttctctcctc tcaaccatct ccaagacgga gtccaagcg 840
cactctcaa gcaacttttg gcaacctcag cctcagagtg gaatccttta aagaacagac 900
cccatgtcc aggaaggagg aaaaaggaat ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataa atataataa taataaaga gaaaaaaa aatagaataa aaaaacataa 1020
gcacagcccc ttgttgaaag tccag

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1386 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

cacactcact gccactgaag gaagaggggg caagtgtacc gaagaaaggg atgacctaca 60
gcaagaagggc tgcacctag gttctgaccc catcctgcctc agtggagggc aggtttctga 120
gcaacaagaa gaagtggagg gttatcagga gtgtcagtgg atgctcccaa gccacggcca 180
agagggagatc aaggttagccc gtatcagga gtgtcagtgg atgctcccaa 240
ccggagtgctc ctgctgtcac acaaaagatga cgtgaaggag gtagaaggag gtccaaggag 300
tttcccaag ctgcccctcag aggaagtgaag gggaacaattt ggttgaaagc ttctctgaa 360
aaaagccaaa gggtttagg ggtacaacctta gggttgcat gcaagcctgtt accaaaaaat 420
tttaagat tttcttaat tgaataataa aaccagaagg aatggcataa gggtcattga 480
aactgaagca aaccttttg gacatgaatt gtctacgat gaatttttg cttagtattt 540
taataaagaat tacaagaaca atggcatact tgggttgaga gtaggtctgag gatgtctgag 600
gagggagatg tatgtcaggg aagactgaga aacaagtagg atgacagttt tgaagtatac 660
ctgcaactttt caattgtgca atctctctgt gcaactttaag gctttttaat ttgtttgag 720
aatgcaaaatg ttaacctgtaa gttcaacctt aactcctact atgacctact caacctctc 780
taaggaactcg gcatttgtcc acagtcaaac tgcagaagag ggtaggtcat gaacagtcac 840
ccgtgctgagc tgttagcccc acagaggcga tcatgcccga tagattcaag agaagctaa 900
cggaaatgga gggtggaaag ttgtgactgt gggaactgtc tgcattctgt 960
tatcaatttc ttatataa atcttgatga ttctataa ttaatcaca ttgcaaggaa 1020
ttcagatgag gcaagaaat ttatltggcc ttgttaagac tgaagacatt ccaatttag 1080
cttaagactgt gcaaaaggct tagcctaagt taccgaacta aaacccgtca attaaaaaaa 1140
cattatitga acagttacg catgccacgc actgtgttgg gcttagttaat aaaaaaaaga 1200
aaagataagt gcttgttcta gcataataa aaggtcca aaagttcca gggaaattaa tctggaag 1260
aacatatgccc aatttttaaa ctatgacagc ttattttttc tctttccatt caaatagcc 1320
cgggttcagt cccaggaagg cacaaatga atgaataaat aataaatga ataaagcaaa 1386
aaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1747 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatgggc gctggttccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcattgg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcttgagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtccag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtgtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtggg gtggaggggg ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatattcc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcca 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtccctct ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttccttt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaatgtgtc catcaaagt agggaaggtt ttctgtctga gggccacggc 840
atcattacct gcaaccccga cgagacgtgg acacagacaa gcgccaaatg tgaaaaaatc 900
tcatgtggtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgtaca ttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt1020
gtttgtttag aaaaaggaa atggacatca cctcctatct gcagagctgt ctgtcgattt1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaacgc ccaaagtctt gttcctgtcc agagggtgg1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttcctt gctgaacgg aggtcgctgt1200
gtggcccctt accagtgatg ctgcccgcct ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaagga ggactgggtt ttaaccactg1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatcc1440
tggaacttat gcaaagaaag tccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact1500
tggggttact ttttttattt tgtgatata tttgttattc atttgacat actttcttac1560
atgtttccat ttttaaatat gcctgtatct tctatataaa aattatatta aatagatgct1620
gctctaccct cacaaaatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagtcc tggtagacat1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgctac taaataaaaa1740
aaaccgc
1747

```

65

(!) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(c) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

[illegible]

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(!) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaatttaa tgcttctgtt ctcagcatth cacagcatgc aggactcaaa 60
tggtatacaac agaagaaaac aacccacaat ttttggaata ccctttgtcc aatgattcat 120
atthttgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaatct caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tcggctcgag ggcggtcacc tggagatgag aaaggcccgc 240
ggggggggacc atgtgcctgt gtccacgag cagccgagag gcggggagga cgctgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggcccg acaatgcaca gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggccgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaaccc cctgcctgat gtccaggtga acgacctccg tggcgccctg 540
gatgccacgc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tggccacag ccggcagctt 600
agacaggcgc ctgggcctcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgccc tccctcgcca gcagcaggtc tgtctcagcc gcacccagc caaactctgg 720
aggtcacact cgcctctccc cagggtttca tgtctgaggg cctcaccaag tgtgagtgc 780
agtataaaag attcactgtg gcacgtttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgag 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctgggtcac tcccaggctc aggctgggga gctgctgcgt 960
ctgtggctcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcatg gctgctcatg gtcccaacac aggctactgt gagagccagc 1080
atccaacccc acgcttgag tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tatcgatgct 1140
tcccacagtg tggtagaaag tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

15	ggtattctta	aaacataaag	aggagataag	agtcagctgc	agaaacaatgc	ggctgattct	60
	tctgcctttt	ctctggaaaa	tctttcataag	cttttggtgc	aaatttaacct	agaggttaaca	120
	accacaggat	gtagccttgc	ctcttattgc	cccttttggt	aaaccaatta	agattataac	180
	aggataaagg	aaataaagcaa	tctattcata	gtttggtttg	ttacttggtc	ttacttggtc	240
	cctgcgaagg	aaatcttgca	tttttgatct	tttttgatct	gttttgatct	gttttgatct	300
	aaaggccttc	ttatgctttg	tatagccttg	catctttaac	catctttaac	catctttaac	360
	ataagcattc	aaagacacag	tgaattagag	tgaattagag	gaaacacacag	gaaacacacag	420
	tgaagcattc	ggccttaaaa	tatccttaag	tatccttaag	ccagaaatgc	ccagaaatgc	480
	ctagtggtgc	ggtatggcag	aatgagaagt	ggtttcttcc	ttgacaggtg	ttgacaggtg	540
	gcaatcctag	cagaagccac	atttggaagt	gataaactaa	gattgcaaat	gattgcaaat	600
	gcttcttggt	catccttaga	ctatttgaga	cttctcctaa	ggtatgtaga	ggtatgtaga	660
	gcatccttgc	aaagcattca	tggtgcaatg	tggtgcaatg	cagcatatag	cagcatatag	720
	accatacagt	cccaacttat	agaaagtctc	ccaaacaata	ccaaacaata	ccaaacaata	780
	agtcagacct	caactcttag	gagatggaga	gtgggagaga	gaaagactaa	gaaagactaa	840
	ggagtaagag	gaaatttgct	tccctgtctg	cccaagggg	gctatatgtg	gctatatgtg	900
	ggttggtggc	aaagaaagtga	tgtcagtgtg	aacgaaaggga	gagttagaac	gagttagaac	960
	agcctccctc	ccatgggtga	catcttcaat	ctgacttagc	tggttagttt	tggttagttt	1020
	ttagccttgc	gtgttggtcc	gctggttagt	aggtgttagg	aggtgttagg	aggtgttagg	1080
	ttagaccttc	gctccttcc	ttgttcttag	tcattttaga	tcattttaga	tcattttaga	1140
	cgttttctat	tgcaagctca	aatcccaatgc	atggttttaa	taacaggtcc	taacaggtcc	1200
	gcttatgtta	tataatccca	aatcccaatgc	atggttttaa	taacaggtcc	taacaggtcc	1260
	tgaaaaaagt	catatacagt	actgaacttc	tgaaaggacc	taaaacattc	taaaacattc	1320
	agtttccctc	taatcatgtg	tcaaaacctc	cttctgtagc	ggaatgttgt	ggaatgttgt	1380
	atatctccct	cagtcttcta	ggagggcaga	gtgaatccca	gaactgtgta	gaactgtgta	1440
	ctgaagcatt	ccaactttat	cttagaatat	cttcatcttc	gaacacacct	gaacacacct	1500
	gttttttaga	agtaacgttc	agtgtaaaag	catggtgcca	taagtaacag	taagtaacag	1560
	gaggaataaa	aaacagtttc	ctgcaattgc	atacccttgc	agtaacgttc	agtaacgttc	1620
	tttgttaagc	acatttggtg	tgatcatcta	gaagcattgc	gaattttaga	gaattttaga	1680
	atttagttag	atgtttagtg	gtaaacatata	tcgaagcttc	gaaatgaact	gaaatgaact	1740
	tttcaaacag	aaagccttat	tttagacctat	tcgtgacctc	aaatagtctc	aaatagtctc	1800
	tttaaatag	ccaggtttat	tttagacctat	tcgtgacctc	aaatagtctc	aaatagtctc	1860
	gcatctgtag	aaacacacac	attatcacat	agccttaaat	ctagccttgc	ctagccttgc	1920
	acatcttgag	tgtaacacac	aaataacacac	aaacacacac	aaacacacac	aaacacacac	1980
	actaacgtat	gttagaacac	tttctctatt	gcatgttaac	ggttaagagt	ggttaagagt	2040
	catctcggtc	caataagagca	tggtcggtgc	tcttttgaca	taaaaccttc	taaaaccttc	2100
	gaccttggtc	agcaacacac	ctgttggtgc	atatttaatt	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2160
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2220
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2280
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2340
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2400
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2460
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2520
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2580
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2640
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2700
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2760
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2820
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2880
	ttctaaaggt	gcttatcatc	tcatccagtt	ataaaactag	gctcctgcaa	gctcctgcaa	2940

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctaaa3000
 cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaagtga tccaagtat acaggggaga3050
 aagctagact cctacagggg cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
 taatttttct aatttttatt ttttggttcc aaatgtaaag ctcttgtgt ttacctctgt3180
 ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
 atctgggac catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttctc3300
 tacctgataa tgataaact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
 tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
 aattttttaa tcaaaagatt gtacttggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
 tttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
 ttcttcttgg aagtaataaa caaaagccat agtgttttca tttgtctttt cttcaggata3600
 caccgtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
 acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtggg acagaagctg3720
 tggcagtcac tcaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
 tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
 ttagctgagc acaaaatttg ggcctgatt tgtgtgagt atctttcaca gattactgct3900
 ttaaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacggat3960
 gagattcg 3968

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

gtaatgggaa atttggtgtg ctgaatcttc ttcctaggat attgatatat tccacgcttc 60
 tagtgggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc cctagggtag tagaaagagg120
 agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctctgtaga agtggaatg tcatacaggal80
 tagcaaacac tcttggttcc ttttgccca ggcttgccca gagccggcaa cagcaacaaa240
 atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatatt gatgacgaag300
 atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
 agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtgggtccag420
 cacctctctc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
 ccaatggatt tgaacagaag cgctttgccca ggcttgccag caagaaggca gtggagggaac540
 ttgcctacaa atggagtgtt gaggatatgt aactttcctg aggctgtggg ggtggctggg600
 ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagttgtctg tgctaataat660
 tggagcccac acagaccagc aacttgttga atgccagttt tgaccacaga agaataattcg720
 agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgggtgtt780
 ggtgggtttt cagaggaa 798

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1068 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

ccctctctg tgaactcagtc tctgagcggtc ttaatacagat ggtgtcccg cggatcaaa 60
ccttcgagtc acgactgagg actggtccctga tgggagagca tggagagcca tgaacagtg 120
gtatgtgaga ccccttgaga ccaagctc ccaagtcca tgcagtga acttgagtc 180
tccgactcc cagaagctcc tgcagtga acttgagtc ctaagagcc agttacaggc 240
ccagaccaag gcttttcgagt tccctgaacca ctcaagtga atgttggaga aggagagctg 300
cttgcaagcaa atcaagatc agcagcttga agaggttgc agccccaag gccgccaagg 360
agagaaggag gaggcacaagt ggggcattga gcaaggccgg caggagcgtt atggggccct 420
gacccaaggc cttcaggggc tggagaaagac cctgcgtgac agtgagagca tgcagcgggc 480
cgcacccact cgtgctcgc agctgctgc ccaggagatc cgggacagca agaatctct 540
gtggagagag ctggaactgg tgcgggagga ggtgaccctc atctatcaga agctccaagc 600
gcaggagat gaatactcga agaaacttgg gaaactcag aaaaatgcaga aaaacgcagt 660
gaaatgcgc aaaaactcga ccaagatgaa gcaagcaggt catgagacag cgcctgtc 720
ggagactgaa gagataccgc aggagccaat ggtgcttga agatgacct ccaagagaa 780
ctgagtgata tatgtgctgc tgtgcacgtg ctgcaagaat ccatagacag cctcaacttg 840
tgcctcgggg cctgtcccaa ggcctcgaag ctaagagcc acaaggggc ccaagtgcctg 900
agccctccac tccctcctg ggaactcga accgctcag accaggaact ctcccgagc 960
ccttcagca agagcgcgc cccctccca ccgcttga cagccggag ctcctctccct 1020
gaagaccct ccagagagaa aataaactag ccagaccct cctctaaa 1068

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

15

ctcgagccgc	tcgagccgcg	gaagtaattc	aagatcaaga	gtaattacca	acttaattgtt	60	
tttgcattgg	actttgagtt	aagattat	tttaaatcct	gaggactagc	attaattgac	120	
agctgaccca	ggtgctacac	agaagtggat	tcagtgaatc	taggaagaca	gcagcagaca	180	20
ggattccagg	aaccagtggt	tgatgaagct	agggcttggg	gcaagagggc	aagcagcagt	240	
tggtggtgaa	gataggaaaa	gagtcacagg	gccagtgcca	tttgggtgaag	gaagctagga	300	
agaaggaagg	agcgctaacg	atttgggtgt	gaaaagagga	attggggagt	gtaggatgaa	360	
acaatttggg	gaagatagaa	gtttgaagt	gaaaactgga	agacagaagt	acgggaaggc	420	
gaagaaaaga	atagagaaga	tagggaaatt	agaagataaa	aacatacttt	tagaagaaaa	480	25
aagataaatt	taaacctgaa	aagtaggaag	cagaagaaaa	aagacaagct	aggaacaaaa	540	
aagctaagg	caaaatgtac	aaacttagaa	gaaaattgga	agatagaaac	aagatagaaa	600	
atgaaaatat	tgtcaagagt	ttcagataga	aaatgaaaaa	caagctaaga	caagtattgg	660	
agaagtatag	aagatagaaa	aatataaagc	caaaaattgg	ataaaaatgc	actgaaaaaa	720	
tgaggaaaatt	attggtaacc	aattttat	aaaagcccat	caatttaatt	tctggtggtg	780	30
cagaagttag	aaggtaaagc	ttgagaagat	gagggtgttt	acgtagacca	gaaccaat	840	
agaagaatac	ttgaagctag	aaggggaagt	tggttaaaaa	tcacatcaa	aagctactaa	900	
aaggactgg	gtaattttaa	aaaaactaag	gcagaaggct	tttgggaag	ttagaagaat	960	
ttggaaggcc	ttaaataatag	tagcttagtt	tgaaaaatgt	gaaggacttt	cgtaacggaa	1020	
gtaattcaag	atcaagagta	attaccaact	taatgttttt	gcattggact	ttgagttaa	1080	35
attatttttt	aaatcctgag	gactagcatt	aattgacagc	tgaccagggt	gctacacaga	1140	
agtggattca	gtgaatctag	gaagacagca	gcagacagga	ttccagggaac	cagtgtttga	1200	
tgaagctagg	actgaggagc	aagcgagcaa	gcagcagttc	gtggtgaaga	taggaaaaga	1260	
gtccaggagc	cagtgcgatt	tggtgaagga	agctaggaag	aaggaaaggag	cgctaacgat	1320	
ttggtggtga	agctaggaaa	aaggattcca	ggaaggagcg	agtgcatttt	ggtgatgaag	1380	40
gtagcaggcg	gcttggcctg	gcaaccacac	ggaggaggcg	agcaggcggt	gtgcgtagag	1440	
gatcctagac	cagcatgcca	gtgtgccaa	gccacaggga	aagcagtggt	ttggtaaaaa	1500	
tccgtgaggt	cggcaatatg	ttgtttttct	ggaacttact	tatggttaacc	ttttatttat	1560	
tttctaatat	aatgggggag	tttctactg	aggtgtaaag	ggatttatat	ggggacgtag	1620	
gccgatttcc	gggtgttgta	ggtttctctt	tttcaggcct	atactcatga	atcttgtctg	1680	45
aagcttttga	gggcagactg	ccaagtcctg	gagaaatagt	agatggcaag	tttgtgggtt	1740	
tttttttttt	acacgaattt	gaggaaaacc	aaatgaattt	gatagccaaa	ttgagacaat	1800	
ttcagcaaat	ctgtaagcag	tttgtatggt	tagttgggg	aatgaagtat	ttcagttttg	1860	
tgaatagatg	acctgttttt	acttcctcac	cctgaattcg	ttttgtaaat	gtagagtttg	1920	
gatgtgtaac	tgaggcgggg	gggagttttc	agtatttttt	tttgtggggg	tgggggcaaa	1980	50
atatgttttc	agttcttttt	cccttaggtc	tgtctagaat	cctaaaggca	aatgactcaa	2040	
ggtgtaacag	aaaacaagaa	aatccaatat	caggataatc	agaccaccac	aggtttacag	2100	
tttatagaaa	ctagagcagt	tctcacgttg	aggtctgtgg	aagagatgtc	cattggagaa	2160	
atggctggta	gttactcttt	tttcccccca	cccccttaat	cagactttta	aagtgcctta	2220	
ccccctaaac	ttgttatttt	ttacttgaag	cattttggga	tggtcttaac	aggaagaga	2280	55
gagggtgggg	gagaaaatgt	ttttttctaa	gattttccac	agatgctata	gtactattga	2340	
caaactgggt	tagagaagga	gtgtaccgct	gtgctgttgg	cacgaacacc	ttcagggaact	2400	
ggagctgctt	ttatccttgg	aagagtattc	ccagttgaag	ctgaaaagta	cagcacagt	2460	
cagcttttgg	tcatttcag	tcatctcagg	agaacttcag	aagagcttga	gtaggcaaaa	2520	
tgttgaagtt	aagttttcca	ataatgtgac	ttcttaaaag	ttttattaaa	ggggaggggc	2580	60
aaatattggc	aattagttgg	cagtggcctg	ttacggttgg	gattggtggg	gtgggtttag	2640	
gtaattgttt	agtttatgat	tgcagataaa	ctcatgccag	agaacttaaa	gtcttagaat	2700	
ggaaaaagta	aagaaatatc	aacttccaag	ttggcaagta	actcccaatg	atttagtttt	2760	
tttcccccca	gtttgaattg	ggaagctggg	ggaagttaaa	tatgagccac	tgggtgtacc	2820	
agtgcattaa	tttgggcaag	gaaagtgtca	taatttgata	ctgtatctgt	tttcttcaa	2880	65

5 agtataagc ttcttgaggaa ggaagatct gaactggggg ttggctgagc ctaactgagc 2940
 gacatlaact acaatctatg gaaatgcaaa agttgtttgg acarytagc gtgtgtgtc 3000
 ctttggaat tttttcagg tgaattataa ataatttaa actactatg aaactgcaga 3060
 gcaaaaggag tggcttaatg atccctgaaag gattccttc gattgttagc ttgtatat 3120
 caaacctttt ttagataaca tcttcttagt cataaccag ctggcaglat gatggccatg 3180
 atgcagagaa aacagctcct tggtagaatg ataagtaag gcagaaaaga ttatatgtca 3240
 taacctccat tgggaaataag cataaccctg agattcctac taactgatgag aacattat 3300
 gcatatgccaa aaaaatttta agcaaatgaa agctaaccaat ttaagttac ggaatcta 3360
 atttaaatg taattgcttg tcaagctata accacaataa taatgaatg atgagaata 3420
 caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaata ctgcttttac aaaaagcagaa taaaagcga 3480
 aagaatgaa aatgttaaca tcaatlaac ctggaataaa ctggatcttg ataaatgta 3540
 gatgaattgg atcgaattgg attgaggag ctgtgcttg agaaagcctg ataaatgta 3600
 cagaagatg tctctcgtt atcagaagag ttgctcat tcatctggga gcagaaaaca 3660
 gcaaggcagc gtttaacgat aagtttaac tgcactctgca gtabtgcatg ttagggata 3720
 gtgcttatt ttaaggagct tgaagtctt aaatataca catgagcatt tctcctga 3780
 ccttccctag ggaattccag gattgagaa ttttccatc gaggcctttt aaaaatctag 3840
 gactgttcc tgtgggcttc agtgaatggga tagtaacct cactcagag catctgcat 3900
 ttaataat tcttaaaag cctctaagt gatcagtgcc agaaagcaat 3960
 ttgtttagca tgaatctct gaaggtcta tgaaggaat agcatgagt gctgttagaa 4020
 tcaagatgta ctgctaaaaa tgaatgttg tgaattaaat tgtgtagaa accattaa 4080
 catcaaat aataaactat ttttataga gaatgtatac ttttagaa ctgtcctc 4140
 atttaataa aatagtgtt gtctgttagt cagtgttgg gcaatcttg ggggggatt 4200
 tctcaaaact ttgtcttgca acaactctta atggaccaga tcaaggatttg 4260
 agcggaagaa cgaatgtaac tttaaggca gaaagcaaa ttttatctt cataagtga 4320
 tgaagcatata ataattccag gcaatggca atagagccc tctaataag gaataaata 4380
 cctcttagc aggtgggaga ttabtgatcag agtaaaaggt aatatacat ttatatcca 4440
 gaaagtcaag ggtctataa tgaacatga ttagatgaat acttttcac attccaag 4500
 tttagcatg aacttaaat gcttaaatc tttagatgt aggcattgt ttaacattat 4560
 gacctatat aggaaaaaa tgaag

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 982 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

60 gtgagaggga cccgtgtgtt agcagcagct atcgacagct cgagtttca gägcaagaga 60
 agccgggctc gtcggatgtt ggtgtgcccg ccaacatgag ctacacaggc ttgtgtccagg 120
 gatctgaaac cacttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt 180

```

atggatatgg aacttgaac tctgggacaa atagaggcta cyagggctat ygctatggct240
atggctatgg ccaggataac accaccaact atgggatgg catggccact tcacactctt300
gggaaatgcc tagctctgac acaaatgcaa aactagtgc ctcgggtagc gccagtgccg360
attccgtttt atccagaatt aaccagcgt tagatatggt gccgcatttg gagacagaca420
tgatgcaagg aggcgtgtac ggctcagggtg gagaaaggta tgactcttat gagtccctgcg480
actcgagggc cgtcctgagt gagcgcgacc tgtaccggtc aggtatgac tacagcgagc540
ttgacccctga gatggaaatg gcctatgagg gccaatacga tgcctaccgc gaccagtcc600
gcatgcgtgg caacgacacc ttccgtccca ggccacaggc ctgggcccgg gatgcccgga660
gcgcccgccc aatggccgca ggctatgggc gcatgtggga agaccccatg ggggcccggg720
gccagtgcac gtctggtgcc tctcggttg ccctccctct tctccagaa catcatccc780
gagtacggca tgttccaggc gcatgcgagg ttggggcgcc ttcccggcg gcttcccgtt840
ttggttttcg ggtttggcaa tggcatgaag cagatgaggc cggactggga agacggggac900
cacagccgat ttgcgaacca agaagaagaa gagaaagcag ggcggcattc tgattgagcc960
agttagcaaa gcagccgga tt                                     982

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

```

ctcaacttcg cagcactgcg tgcctcaagc cgacgcagcg gcctactctc gcactgcaga 60
cggggaaact gaggcccagc ggcggccggg tggggcagac ctcccggcga gcccagagccc120
ccgcccccg ctagccccgc cctggcccgt aagaagcacc cggggcgcgga ggcgaaggcg180
cacagcgcg ggccaggctg ggtccagcag cgcgatggca gctcagcggc tgggcaagcg240
cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcg ggcccgcggg ccagggggca gtcccggggg300
gctgcagaag cgccacgcgc gcgtcaccgt caagtatgac cggcggggagc tgcagcgcg360
gctggacgtg gagaagtgga tgcagggcg cctggaggag ctgtaccgcg gcatggaggc420
agacatgccc gatgagatca acattgatga attgttgag ttagagagtg aagaggagag480
aagccggaat atccagggac tcctgaagtc atgtgggaaa cctgtcgagg acttcatcca540
ggagctgctg gcaaagcttc aaggcctcca caggcagccc ggcctccgc agccaagccc600
ctcccacgac ggcagcctca gcccccctca ggaccgggccc cggactgctc adccctgacc660
ctcttgcaact ctcccgtccc cccggacgcg gccagcgttg cttgtgtata agttgtattt720
aatggttctg taacaataaa aa                                     742

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2330 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

gtttggacaa gttgttttaa tagaataatag acctgcgtgc ttcataagttc tccccaaca 60
ccttcctcaa gcttccttaa aatgggtagc tccgtcttagc accgtctcgtc tcatgtcctt tcatgtcctt gaacctcagc ttaacagcagc 120
taatcgtctt tctgctctagc accgtctcgtc tcatgtcctt tcatgtcctt gaacctcagc ttaacagcagc ttaacagcagc 180
aagaataatt tccctcgaaca gaacctcgaat ctttagttcc attagttccc ttaacagcagc ttaacagcagc ttaacagcagc 240
tttggacctta ccagaagttag gaagtctctga taccattcaa gatgttcttc ccttcaaaagc 300
aggtctgtaag agtgagacctc caaagtcagtg tttaacaacc cagaagtccac acaaacccat 360
tgcattagAAC agcacttggc ttccaacaagc ctccacaagc acctggtgta 420
aaggcagagc acccttggaag tggaggtggc tgtgtgcctgc gatgggaaag aggcagaaag 480
ccaaggggct ttgggacatag aagcctgcagc taactgggaaag taactgggaggtt gaagagaggtt 540
tcaagaaac aaagctcttgc cacacaagaaa tgaatcctgt ctcaactggtg acctcatccc 600
tcaaggtcca gctgagcaga gatctttaa accctcctta atgtgtattg acaactgcca 660
ggaaagcagta gacctgtcga gggaacagcta ttgatctttt gtgttctgat tagattggaa 720
aatagatcaa ctcatctgta gtcagagAAC tgttggctcac agctactagg aatgaggtga 780
ttcttgaggc ctgagaaaaa acagaagAAC ttggccagcga gccagcagct gccatgttgaa 840
agttcatctc actctcctc tgaagagtgg ggttggaggc aaacatatgaa cccaggtctg 900
gcttcaaac cagtgtccc gaaagccctc ttcgaggagaa ctgtaatgaa gagggtgggtg 960
tgcctcaaga caataaccat aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt 1020
gggagtaact ctgtgatctg gcttatgtgc gttccacatgc acatcttgcta gccagagctt 1080
tttaaatga ggtcttgcat ataacttgat acaaatgaaa actcagaAAC caattttat 1140
accattttga tcttccctt ccttctaat cccccaagg accattttga 1200
tatataatca tatcttttgt ttttccctc ccttctaat cccccaagg accattttga 1260
gctgttccc tccaatttt tccctgattg accattttgc ttgccagggtg atatttactg 1320
ttatctccc tcaagattgct tccatgtctc ttccaataaa gatttacttg gttggcccctt 1380
taaggtgaca tcaagattgct tccatgtctc tccagaaataa gcatataact cactcctcctc 1440
ccttcaactc cctcctgcat tcttaattcc ttgctttct caacttggaag cgaagggtgt 1500
ttagaagagt ggttttccat gaatcagcca agatcctgt agaagtgggt tataccttat 1560
ccaagttcaa agctcctcgg ctaatgctaat gtccctcag agatlgaggt tgaactttt 1620
gcccgtatga ctcctccata gccctggcca ggagAACatg agtaggccatg tctgtgttca 1680
tcttatctc gaagactgtt gtttatagc taaacaagaa gttgtgtctc ccagcaaaa 1740
cctaataat cagtgtatca gtgcattctg ttgcaacaagc tcaagcccat caaagagc 1800
aaaccagagt tgaaggtcgg gtccgtctaa agcctctaa tgttctcctaa tgttctcctaa 1860
atgcagaagt cagaagtctg ttgaactctc cctaaatatt ccttggttca 1920
atgcagaagt cagaagtctg ttgaactctc cctaaatatt ccttggttca 1980
gttgaagagt tttgaagagt aaaaagcacc aagaagcacc aagaagcacc aagaagcacc 2040
ctgagagagc gcaagcacc aagaagcacc aagaagcacc aagaagcacc aagaagcacc 2100

aaaggttggtg cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttccttg aagaaggaagg2160
 aaagaatggtt ttcacccttg catccttctt gggagagct accagcctgt tgcctcagtt2220
 tgagttggtt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttctt cctctgtgtt2280
 tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaag aagggccacc tgaggggttc 2330

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttcctg ggatgtctgg cacatcctgg aattcgacta 60
 tagcaggctc cccaaacaaa gcacgaggca gttccatgag ggggatgcct atgtgggtcaa 120
 gtggaagtgc atggtgagca cggcagtggt aagtcgccag aaggagagac actcgggtgag 180
 ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240
 tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggt ggagctggac gaggaaaggg gggcccagggt 300
 ccaggttctc cagggaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggt 360
 ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagtgagt ggcggctgta 420
 ctgcgtgcgt ggagaggtgc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtactgtgag 480
 cagcctgagg tccagaactt ccatggtggt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540
 gtggcacgga tgcaaaagcc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600
 gatcaaggaa caatgtcccc tggaaagcag actgcatagt agcagcaaag tcacaataca 660
 cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720
 gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaagtttt aacttcgcgc cccgcctggt 780
 catcctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840
 cccctctgtg gtcagttcca tgcccttctt gcaggaagat ctgtacagcg cgcccagcc 900
 agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960
 cgagaacaag atcactggtt ccgcccgcac ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat1020
 ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtotta1080
 ccttatccac gctggtctgg agcccctgac attcaccaat atgtttccca gctgggagca1140
 cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcacccct1200
 cgtggaagac gtccttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260
 caggccactc ccggagggtg cgatcctctg agccttgaga tctatctcac cgacgaagac1320
 ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccgc ctggaagcag1380
 gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gagcctcacg1440
 gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500
 ttcacaaagt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgcttg1560
 tcccggagtt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaactt ctttccacca1620

40

45

50

55

60

65

ttcaggagggt.tatcaggaaat aataaaagta tctgctatgt gcacttaayc cgtagctgtct168) atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcacgcct ltlvcttct tttgaagcag1740 ttcctttat aagtggttat tttgtagtt tttgtagttt aaataccat ataagtcataa1800 tatgattta acaaaagcaat atgtatctat tcaacttcga gattggggg gttgtttttt1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iiii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iiii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

ccttccca tctcatata atgtataaca ggaactatgc atgtactctc tttagagtga 60 atttggatg gaagccagg gactatactc ttttaaat agaatattg ggggtcacal20 caatatatga aatagtaacc tctaaaaaag agaaaaaaat aatcagggcgg tcaaaactag180 agcaaatatg tcttatataa gcatagtta tttaactaga aaaaattaa tatcaaggac240 tatacatcac tcatcata ggaagtctt tttaaatga cacttaaac aatcaactga300 aacttgacc acatcacacc ctgttttat tccttaaaca tcttggaaagc ctaagctct360 gaaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaaaccag agaagatgt tagtagcaat420 taaagctgt ttgcaacctt aaggaccagc tgggctgtag tgaattcctgg ggcagagt480 gcatatgtc tttaaaaaat aatgacatat gtcaatgtt tgcatgttg ttgctgtt540 gaatttga acagccagt gaccaatcat agaaatcat acttcttc atatgggtt600 tggttcatg gcttaagagg ttctcagaa tatcatggc cacagcagca taccagt660 ccatccaat agggaaatga aatlaattt gtaacctact gatlaacaga atctgggggt720 cacatggaa aaaaatctt tatccgctc tttaagata tgttaata ttatttatg780 tgtcggcata ttgcgagacg tctgaga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1932 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
 aggcgggggt ctggcgagtt ctcttccac cttccccac cttctctgc caaccgctgt 120
 ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180
 caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctctt 240
 ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300
 ataggatttg aagaaaaaga tattgcagcc aatgaagaga atcgggaagt gatgagagaa 360
 aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggtaacccc tgccacctca gattttcaat 420
 gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480
 tatgccttct taggcttgac agccccacct ggttcaaaag aagcagaagt gcaagcaaa 540
 cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
 ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggcttaatg ttgaaataat 660
 agattagttg ggttttcaca tgcaaacatt caaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
 ttatgggtgat tatggtagg agaattggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
 atcgtagaaa tagtggtgtt acctgccaag ccattcctga tacaccaatg attttataaa 840
 gaaaacaccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
 cattaataag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960
 catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgca 1020
 gtaatgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attccattc 1080
 tttttagatg gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc 1140
 tttcattgca catttcagt atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga 1200
 ttcattcagt ggacaagtgc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatccaa 1260
 gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct 1320
 taaaatggca ttctctagca aagagattag actttttaa aactcttata aaacagggtg 1380
 gcgatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt 1440
 tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt 1500
 tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct 1560
 atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaatataa agggcaactt ttaaaatatt 1620
 aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca 1680
 tagtaagttt cacactacct tattacaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta 1740
 tcatgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga 1800
 gatgcctttg tttcatgaga ttcaaaactg atgctatgct ttaaaataaa ctgactactt 1860
 ttagaaacat aaaaaaaaaa aaaaaaggc gacccccga gtagtggggc cgcgcccggg 1920
 gatttttccg gg 1932

20

25

30

35

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

60

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(iii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(!!!!) HYPOTHETISCH: NEIN

(!!!!) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

atataatgtta agacattccc ttgcataata tttctctc tgttgttcta ttttttttgt 60
cagtttgtct gtttttaaaag ttgtgaagtc cagctgtgcc tgtacaattta actgtaaaaaa 120
aagttaacct aataatataa aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta tgtacagtta 180
ttgatataatg ttgtcttaca tagcataacct atagaacagc taagttaagt gactgttaag 240
aaggttatgc ttatatgata acctctgttag gctcgttaca tttgttgaag tttatgttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatataaa atgttgaag tccaataca tgtgataatc 360
accaataaat ttgaatatg gggtgtgtgg aggttagttg aatgtcattt tatatacca 420
aggagtatgt taatatgata gttataaatg ttggaagttt aaagcaagat actcaagtta 480
gttcttaca aatcataaga agacaataat tagatgtga cattgcttat tttagctgtg 540
ttgttttccat atgtcttcttg cttccctgt cacaggtgtg ggcagcgaata ttgtgtgtgat 600
ttaggttatg ctgccaaccac tcgcaacacag ggcgaacaatg gttgtttagctg ggcagaagaag 660
gttgcatctc ttgcatccgg gctgggtggcg accttaaca taggatgaag taacctgca 720
ttcggctctc aggtgtatcg tagctaca ggtgctgtgc gatgtccaact ttctgctttt 780
cttctctctc ttatatctt tttaagtta ttccctcac agtataaatc acctgaacct 840
gagtataatg atttccag ttatgtgat ttgtgtatc ttgtgcattt tttagaatc tttagatc 960
cagaatatac ttacgtctt gatccaattt aaaaattgta cttaatttct tttagaaaata 1020
atgtatatgt tctgtgcaga aaaaaaaa ttgctttact ccaagagag 1080
agatatgtct aggtataaac tccaagctca catttaatat aacgaactga agtaaacatt 1140
agaaatcctgt tttagactat tctgcacagt taactactga tctttagat ctaaaattgt 1200
atatgaacct atcttaaat aatgaacgg ttatatatc aatgtacta tgaatcgtgt 1260
tagttttggga aaaataaagt ggttaaat ttgttaattg aatgttaatt gtatatattt 1320
cataaaatag catttcat ttgttaattg gtttaacac cttgttgttt gccaaaagaa 1380
tttcatcttg ctgtgaatat tctatttgct tgcagtatc gttctctc ctagctcaa 1440
gtttgtgtcc caagctcata gtaaacaaat gatatactca aaaggagatg ccaatgtg 1500
aacaaatctgt taaccttag ttctctgtct gtatatattt ttaaaaatc tttagttc 1560
ggaaaaaaag gagaagggtg ttgttagtac ttaacctat ttatttccgt atatttttag 1620
taattagttt ttggaataaa ttgattttca tagattttcg tggtttaaat 1680
tattttatgt tttagcttat tttaaatat acaattcaaca gaacatttg aatatgaatt 1740
ttcaatgtgc ctttaataa cttaaatga gatlttaac tgaactatg actgaagcat 1800
ttcttaaat tactcaatat ttataatgtc taatatatat tttaatatg aaagcagttt 1860
tagttataga ttgtccctgt ttctcctgat ttctcctgat ggaagcattc ttggtcactc 1920
aacatcaacc ttatatccctg ttgtatccctg ttgtatccctg ttgtatccctg ttgtatccctg 1980
acatcaaccat gatgtgttag ctgtgtgact ttctcctgat ttctcctgat ggaagcattc 2040
atcttatgat actcagatat ttatctgtga ttatctgtga ttatctgtga ttatctgtga 2100
ttgggcaacctg ttcccccaac ctacttccaa atttgtcgga ggaagcaaatg accgtgtgtg 2160
acgatctgta tcttttagcc atgatgtgac gcatgttgca agccttgctg atgataaaa 2220
gttgaggttc ttgagaattg atgagatata ttcaagtcaa gtttgcaac ttgagcaact 2280
tcttttgctgt gccctctcta ctgattgagc ttgttttagc ttgttttagc ttgttttagc 2340
ttgttatatt ttggccaactc ttggccaactc ttggccaactc ttggccaactc ttggccaactc 2400
aatccgaaga ttgattgcca ttgattgcca ttgattgcca ttgattgcca ttgattgcca 2460
gaagtattat aatacaacta ttcaagaact ttcaagaact ttcaagaact ttcaagaact 2520
aatcaactta acacaaccta ttcaagaact ttcaagaact ttcaagaact ttcaagaact 2580
gaagtattat aatacaacta ttcaagaact ttcaagaact ttcaagaact ttcaagaact 2640

tattatttat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaatTT ttttaagat2700
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alltagatuu aagctgctat atgttgaaig2760
 gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagttagat2880
 ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940
 agtttgagac tagcctggca aacatgatga aaccctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000
 aaaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

40

ctgcacgggc gcagatgtag .gcaccgggtcc gagtgcctgc cctctgtccc cgcggctggg 60
 tctcgtctgc tccggttcct gggctcctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120
 gtctgttggt cccagcgctc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180
 gcaggacagg aaaaggaggg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240
 aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300
 agaagtaact tgtactcttg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420
 ggcaaaagaa ggaaagtcag agaggagggg agagtcagag atggaggagg tgcagagaga480
 gggaacccga ggtaggggaa gcgga 505

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PBLRLTEFFY LKKEISTSTA EIRKMYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIÖARYN IIPGFSKSSQ 60
HGILCYSLVA FIAASSFRRA FESKFKLVKV SCIMAAFLPS ITMKMHPPTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAFLSC GFVÖNPFILE KSELVSLRD EFTSLSHNLK ÖLPARRRPL RLPMATCYSA60
DÖRRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

ÖVAMGSLSG, RLAAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCCTKPPÖES PGAPSRRTYNR 60
VPLHKP1DWÖ KKIILWISGRF KKEDEIPE1V SLEMLDAAKN KMRVKISYILM IALTIVVGCI120
MWIEGKKAAÖ RHETILTSNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:	20
GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPFFLSK NWP	53
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:	
	25
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:	
LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN	52
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:	
	50
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(x) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPPVGSQ FKTKLKWLTLD KLHLRLMNNH Q 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLQ QGCTDMAAAF RKAARSRQRE HRESSDYRK KQELYLKALRK KALEKNPDEF 60
YYKMTBVKLQ GGVHIIKETK EEVTPPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQTWRLTF GRRLSPGSGN TESEAVITVR NKNTSKLEFGR RLTKKIQMNS60
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:	
LFWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTV VTASLSVFPL60	15
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR	87
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:	
EANNYMSCQG GSRFHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLEFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60	40
EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI	95
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:	
(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	50
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:	
	65

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLTLI SMFSSKMKLD KVDHQLHKVF CKSIVSKWPR60
DLRKIQIFCL FWSCFKS 77

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
(iii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQKÖK ICIFLKSIGH LTLILLQKTR CSWWSLSSF ILENIIEIKV SNPTPGYÖVK 60
TASLLGÖNC GLTAEIFYGL QSKWSYLTTH MTKVLTNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFFFK120
SMERMLVENI LKI 133

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQÖGKTT QKÖELKTSDB HQGÖLNEDKL KGLRSLALAE LYTCIQKSP WGMKKVILEM 60
EDÖKNSYEÖK AKESIQKVLK EKMAAEQÖLQ STÖRSIALAE ÖKCEEWSQY FALKEDWRTLL120
GTÖHRELESQ LHVLSKLQÖ SR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:	
VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60	15
LHSFSPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:	
(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:	
SCRPWVPKLQ RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60	40
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:	
(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:	
	65

FLÖPSAFHL YEPFLDYTMT WRMGPRFTMT LAMWLVCSE PHPHATINGS HGRKAVPHVS 60
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEBNLO FLQRRRCSTV LRLARPIZPP ARSDINGAAV120
 RPEQRPARAG SPREMIRDEG SSARSMLRAF PSGSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHAASE180
 YRRLMMSLLK DDVYCELAER HIQÖIVLFHQ AGEESGKVRIL ITSEGÖILEQ PLDPSLIPKL240
 MSFLKLEKKG FGMVLTKKTL QVEERYYPYVP RLEAMYEVID QGPRIKIEKI RÖKGFVÖKC300
 ASGVEGQVVA EGNDDGGAG RPSLGSSEKKK EDPBRAQVPP TRSRKVLRL KLAATAPALP360
 QPPSTPRATT LPAPBATVT RSTSRAVTVA ARPMTTTFAP TTÖRPWTTPSP SHRPPTTTEV420
 ITARRPSVE NLYPSPHKKDQ HRERPÖTTRR PSKATSLSEF TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480
 FRDNRMDBRE HGRDNPVVP GPPPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540
 ELÖGVNPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKKK KMKNNADKL LKSEKÖKKKS EKKSQÖKEK600
 SKKKKGKTE QDGÖKPTNK HFTÖSPKKSV ADLGSFEKG RLLLTITAPK AENNMVYQÖR660
 DEYLESFCM ATRKISVITI EGPVNNSTMK IDHFÖLDNEK PMRVVDDEDL VDQRLISELR720
 KEYGMTYNDE FMVLTPVDLR VKÖYYEVPIT MKSVEFDLIDT FÖSRKIDMEN ÖKRGVFFEEGG780
 KTP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

KMVGWVFL RWERMGENLE ÖNGEFAEVR MCSCIDLQTP RRVHTACLQ VPRDSRPPTY60
 LSEARAAGHG PSAPKPVCDAL GALVQEA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

SESSIGVRNT LFTTFKALY FSSMLVLWT EGDVVRAGE RGVRRPSSHWM SWPPALSS160
 PDHRRFPIPS ENLSQGEELKE TGQGTSTFIYE IMLANRT

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

5

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60
 AANFPWKRF SHILSHLKKT HTPPTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLI ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60
 NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSCKKPTH PQPFKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60
SLEKIITHTPL PQKNPHHTHN HFLKPHG

87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPSSHQTLGR CCHRMVFESV GABAHFWLSQ QLGWHLLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFFHPK60
GAGHGSRL

69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLTST LSLAFITMLLF LALGSKCHPS CC DNQKCALA60
PTLSNTIR

68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:	
	20
HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY	57
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:	
	25
(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:	
	45
SAGIPKLAPK IPLPFSDLLK CYLISGAFFD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM	57
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:	
	50
(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

IKTLLTVAASI RVSTFFYSSDP TSFNLLLLLY GG 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVVMKSMH LCAIRAFLLVP HSELIIDSDYI HF 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		5
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		10
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:		
VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYP ISLLLNIFYT YL	52	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:		
(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren		20
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		30
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		35
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:		
TGTFCEFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWPVNL 59		40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:		
(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren		45
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		55
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		60
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:		
LSLCPCWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR	38	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMQEI SSWSQKPPRG AVFLRNGVYL NNS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPQGQGHKK LNYLYNKLHF LKIQHLGTF DSRKRFPASY PKCF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60
 TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120
 VPNFLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180
 INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPND FQLLSLPEE TVVKS 225

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRGPGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60
 QTCRHGDRGL WTAAAHFWRE LRSGTARKSI KSQNSVFVS 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCPKLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60
 CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

65

5	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:	15
10						
15						
20	TSTGSSPLV ASATETLAAE AAASFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGLD QGCEAREGIA60 MRILQASFSG ISSKG	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:	(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
25						
30						
35						
40						
45	NIHGDAITCL TPLÖVPKHEE GKALPKÖRGR TFRAHITCRAR GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60 SAGLATLYLHT RTAASRGTSQ SPVGSVAPQO	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:	(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
50						
55						
60						
65						

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSSGRIH AELKAAAKAA60
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120
WNSEEIQQQI WIPSVFIGER SSEYLRLAFV YEKGARVLLV PDNTFPLGY LIPFTGIVGL180
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240
RVLPCHAYH SRCVDPWLTQ TRKTCPIKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

QVTNMSDKSE LKAELEKQ RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60
RREAELLOS MGLTPESPIV PPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120
ITQVDFPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEPPEEKT LKKDEENDSK180
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240
AKLSLNRQFF DERWSKHRV SCLDWSSQYP ELLVASYN NN EDAPHEPDGV ALVWNM KYKK300
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVG GT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAAH360
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSH PQDSM ELVHKQSKAV AVTSMSPVVG420

60

65

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEME EGHÖGFITGI HCAAAVGAVC FSHLFVTSST480
DMTWKIMWTK NNRKPLYSFED NADYVYDVMM SPTHPALFAC VCGMGRLDLW NLNNDTEVP154C
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEÖLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLWSKCPH L

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSTI VNYGCHVLQN PYCPFELCPG SKIRSYDSIV QHGIIKMSLS SSIFP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:		
KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN	50	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:		
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		15
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		20
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:		
CTFNIESFIY LIVYRTEFHY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCESEG60		35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:		
(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		40
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		45
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		50
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:		
EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60 EKGITLS	67	60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:		
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren		65

5	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:	
25	(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:	
45	IHWSPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCFYS RSLKIKIIVYL LSIITLGK	57
50	(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
55	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja	
60	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
65		

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP 54

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTPPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT 45

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPM LGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV 43

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

60

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(!!!!) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMQEM CYGGQKKPPRG PVFLRNIGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(!!!!) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTCCHPYSI STFISLNDKM KKLILLISTIE KSCPNNMGTS FKYYLNKFFHF LKIQDILGTFE60
DERNTFFASY PKCF

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(!!!!) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAASR RFPQPDITGQ DESASAQRGC LVAHSDLDER AIEATKEFNE DGALAVLQÖF 60
KPSDLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVAADSSKCPD EAKIKALIER TGYTLDVTTG120

DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LFLMMCP LTC190
 LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMPLFV'GSI PKSKTKEQIL240
 EEFSKVTEGL TDVILYHQPD DKKKNRGFCF LEYEDHKTAQ QARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKVQ GIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPYQ NPSEAKPSQT APSPSPYPP NL

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5	:	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
		(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:
10		(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185: PSFSFTYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQPLI HLHIPTTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTINK60
15		(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
20		(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja
25		(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
30	:	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:
35		(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186: QÖHHLPQSIG FLNKKIEIVFL TWLRLTLKLA LPLKYDISFA VLNKLVAASS VPHQÖFLYQA60 SILSFPIRMD TFCGACHFCN ASCREFGHSI KKKIÖ
40		(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
45		(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja
50		(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
55	:	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:
60		(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187: HAEQNVSIIM GKLRRLAWYR NMKCGTDEAT NEKFRITAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60 SELLRNPNND
65		

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:	
GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKWVVS GGRPVGFAGF YCYLGAHSC60	20
SGVWDSKGF FRHLTNS	77
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:	25
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	30
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:	
RSRFHMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA	46
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:	50
(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASIIPEPKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVPGVA60
ERDQF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLTISFC HSRKHKKPGDG LTCYASSNDI FFFFSVGER RETLKHAPPI60
FVGKDN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLPK NTSLRCKKY YWRWKSRRKTA MGRPRGD

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:	
RAETRSQQQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEQGQVI60	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:	
(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:	
SCIAGLSKHL SFPFSLSSL S CPWLRVSALQ LLPLRAFPPA SDLL	44 40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:	
(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:	65

EIMNGTLVDN IWPBKLLTSTV LGSCHFVNHT SEIYMLNNGE QRFSCCKRCI KYLCCEFCMRLLCO
RSFSHTSPLE PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSITKAKSK SEFLPIILPIC NTLRSSHNCPTPHLPVSCCT KSPSLSSFRY IVRQGRALR 60
RRAFEAALSTL PASVKMRLHY SPEKRRARFSH RSRCIFPPGND HSQTHRTVWL IWISL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCEK KSLCEMKKMM TMTGSHITYY IQRNLHTCTH TGRYRHTVPP 60
KRSPNQSSYR FYHSHVILSEV PTTAQHLITYP FPAAGSLHLS HLFDTSSGRA EGHYAAAEHSR120
LSAHQCPA 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:	
FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL	46 15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:	
(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:	
YLSLCPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL	55 40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:	
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:	
RGPGHLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHREFWPLIP NSFPHNSVFL60	65
VSMKCLESHR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI	95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGEPPILR RLDPSETQKR VQGGEWSE GRAFAFEKSS RTHWDIVTHTL NHLIERCWP60
PNNGRSQPGP RA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDLPLGGQH LSIHRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSTLH ISPHPWTRFC60
VSESGNLTKR GGSTPGL

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:	
EANTFLSEDG SNVLQCPSVF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:	
(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren	15
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	25
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:	
PTTTLVIPLF FLSSRRKRQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYPY FSEVLLFHGV60	
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84	35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:	
(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren	40
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	45
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:	
CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60	
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120	60
GGLCEGKD 128	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:	65

5	(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
10		
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:	
25	WVAGRHLLS VQTKSLQVLG LIDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLTSDNKV60 TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKIQC RLQRAV	
30	(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
35		
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:	
50	PDFRGFAGPA MESRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRPASC PAVGWTSDL	
55	(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
60		
65	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

5

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPV RRGGRLLIYE GAHPPI 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

30

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPDS WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60
GPQNPGNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

35

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

55

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRCVQSL 60
INLDGKLHQB VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRRRI120
INLGPVMLIS EGTSSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

60

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

5	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	:	
10	(vi) HERKUNFT:	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:			SSAVPDGAVG RPAVAVGGP PHSRCRPPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60 AGDRVTPAVV AYSENEIVG LAAKQSRIRN ISNTVMKVKQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120 LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPDVART IFSKKKETAH SVLGSDANDV VITVPDFGGE180 KÖKNALGEAA RAAGFNVLRL IHEPSAALTA YGVGQDSP 218
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:			(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
25				(iii) MOLEKÜLTYP: ORF
30				(iiii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT:	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:			KWTLTSMQ KMLTKRPDNK LKYVTKWÖRT AKÖITHFISR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60 YKRAEERIV RMGESMKTYA EVDKQVPIPI GKCLDGIKKA AESIDQKNDS QLVIEAYKS6120 FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDLEKFGG KSKGKIWPFI KKNKLMSTLT180 GGPSSF 186
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:			(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
50				(iii) MOLEKÜLTYP: ORF
55				(iiii) HYPOTHETISCH: ja
60				(vi) HERKUNFT:
65				

(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:	5
ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:	10
(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	15
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	20
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	25
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:	30
DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60 LLVLLTLL 68	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:	35
(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	40
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	45
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	50
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:	55
TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:	60
(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	65
(D) TOPOLOGIE: linear	

5	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:	
	LPTAFLLSSV EWIMTWFTIL FPPDLAGAPF YFSFISIVA ELYFFYYKTWA TDPGFTKASE 60	
	EKKKNIIITL AETGSLDFRT ECTSCILIRKP LRSILHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCTIGFGI20	
	NHHYYIFFEL FLSMVCGWII YGSFIYLSH CATTEKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYIILML180	
	ATFHFSWSTE LLNLNQLFQIA FLGLTSHHERI SLQKQSKHMK QTLISLRKTPY NLGFMQNLAD240	
	FFQCGCGFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHHPARE KVLRSV	276
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:	
25	(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
30	(D) TOPOLOGIE: linear	
	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:	
	SPSRSPVVEA GEFLFKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF	49
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:	
50	(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
55	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
60	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:
65		

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQ PST PNHPQDRWVQ KNAPWFY

37

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSDI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

:
(iii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iiii) HYPOTHETISCH: ja
5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAAALCSL KGEFGQCFPS PMAWSLHSGK60
QTSGEFFPKSQ ECLAMWVLI AMF
83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
25

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja
30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRM E TWLRRHWSE SLGVSCWGV MIVSALTHCT RWQDATALHK MAAPLQLPPQ60
PPSLHPHRRFG LWFLLSSVLYC LRS
83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
50

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja
55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIE RILSSSYGCI LRPRSXYLQTK WPMSTLQNIAM STHQAARHSW DLGKGPLVCF60
PLCSDQAQGL GKHWPGSPFS EHREMAIARE
90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLN I SLQRDGAFKE PGAGPVSSKA LDVFLVRRR GCQMPLKPSG LVWPRAAGQG 60
 RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60
 IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLLI120
 QELSKVPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GÖTMRTEGLR GVSRAÖSHLS RQVASALAVP ASRIAHPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60
ILSHVEFKYE RKEFLNQÖAFK FLHGVDIAFN LIIS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLATG QÖGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKÖSÖNS GLLGWÖRGM VRGPPFISLIF60
SIRWÖSTGHP WWVSGPRMP TLPEFSR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATÖPPL SLPRGTGPAY LNSTLTMLÖT WILDSKLSS NVLLPHFHFL HICILLIYWFL60
LTNLVYFHSWV LCLPPEESA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVVEASFV CLGTTGRCCH WSCRLFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60
 LPVQHMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60
 LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120
 IQWETRLFHE DGECVVYDEP LLKRLGAACH 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KEYRHHPTLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SEFGTHPCSF VYIIAYGCFP ETTVECSHHT RDGLACKPLP IYYIACHRRKS YRPRSKTITK60
PEVKTIKKRAK NLP1V

75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG IKLKQNPILR P

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60
 QTDIQTDNDL TKEMYEGKEN VSFELQORDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120
 IDGTVKDETS PVEECFFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180
 RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

5	:	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:	KEINNNYTRKE KNEKYLQPSI PITPQILGPK KEH	33
10			(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:		
15		(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
20				(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
25	:		(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:	KFSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYVPL PLSPPKYWAQ KNST	44
30			(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:		
40		(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
50				(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
55	:		(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:	RHRSAALIFS KGVQWRRAVF GRVSPGSGN IESSEASDYRK KQGTISKVFGK RVLKKIQ	57
60			(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:		
65					

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:	
	20
GTLFFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDP	44
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:	
	25
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:	
	45
NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFFRTPL RYLVFYGSHW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI60	
SVHPWKRSVQ NAGS	74
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:	
	50
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65

5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:	42
	GAGEPLNQPE TRWSHVKQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN	
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:	15
	(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzeln (D) TOPOLOGIE: linear	
20	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	25
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT:	30
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:	35
	STGNTCQFSC ITGYGAGET SAGLPLLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH	
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:	45
	(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzeln (D) TOPOLOGIE: linear	
45	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
50	(vi) HERKUNFT:	55
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
55	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:	60
	APATPASSVA PÖATRGKKGFLVYLCTSTP GÖLLHVGPFG LRLVÖWLPST	
60	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:	65
	(A) LÄNGE: 183 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzeln (D) TOPOLOGIE: linear	
65	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	70
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

10

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQQRGGGLQ ARRSTLLKTC 60
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120
DQYNFSSSEL GGDDEFMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180
TLP 183

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

20

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

40

CQHVVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTEK GYLISCVVNC YRYINGRNSS120
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

45

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF_CPMGSPALQH_TGSPSASTGL_GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV_LQSRGPHGTG_SPHVLDPLS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMTALG_LPVCCRAQDP_MGQGPMLMSWI PF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:	10
GKGIQGMGRP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V	41
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:	15
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	25
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:	35
HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF	25
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:	40
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	45
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	55
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:	
TNASTGTTFEL LNSRGPHGTG SPHPLOPLS	29
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:	60
	65

5	(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
10		
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:	
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252: ATKTVPRQRM SPFHCPRPNE SLNLRGCGWG NRGKTEAPDA FSLCCSSAID CPDVQRETHHT60 RFAHENWGGAD GQADRCLCLS E	81
30	(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
35		
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252: GVDETEAKL RHLMHSAACA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDDEV60 KPCSGGHLW FILFPYPWLT EMVTFRTVQL HISEHYC	97
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:	
55	(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
60		
65	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

5

LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTG GCLHISQNYR RTIVPKSRVF 60
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

30

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

35

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

55

QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

60

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

5	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:	TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPIYAVPWSN A
20	(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
25	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
30	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:	PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLIKT LSSSTFP
45	(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
50	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
55	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
60	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
65	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:	IMDAFFYKIL TAPFLKCVLPP RSEAMTQLTN MEIS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LEWTSFTKPK PAR

43

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLLGPV AAKELSFSPR NGRGQLPRP PGSLLTLLFF SSPASRGAS 60
 LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTE120
 GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180
 KTVKGPDLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

5	:	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:	TMALVATVLI YPNFIQEVIR QIAPNEPYRD DVMSVNLPVW ALFFCLAL ILTEKG 56
15	(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
20	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:	LCPEQCWLQS LCLFIQTSEF NYGKLLIF PTEMMSQ 38
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:	
40	(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
45	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
55	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:	HDIISVGKIR SSILPVVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRMAPAA RC 52
60	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:	
65	(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren (B) TYP: Protein	

(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	5
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	10
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:	15
RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60	
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120	20
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTPPEDYRL180	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:	
(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:	
VIGYPSRINS EPSPIYINRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60	45
FLQPQGSMTN SACHKEGW	78
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:	
(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVEEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPPT 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIEWQEDHLP QSLGFLENKKE IVFLSWLRL LKIALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQE 60
LYQASLSLSEF LRMQGVCSGG HSVRFSSRFQ RGFKGKYSYG RMGSGVKVGD KGGRAKGVVE120
GWFYXLDNRGM FGGQ GK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVPKQGTKE PGKRSQHVAK DTQDTLRDQS GSTPVLPEEC LCVNPFLLQK KRQQRKLLNQ60
NTDPMRNGAC FCDPGEELSAK IQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:	
NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNILEFK CFKIQSIVFK 60	15
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLKHLL SGA 103	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:	
(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:	
FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQSPTRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCCK VNKKSSIIKE60	40
LCFYQRS LPS EFLHKLMPSL QL 82	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:	
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:	65

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVENFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HHVPPYNEHAC ISFLIHIVSP EVKHYFLIPW LVFFYLSSANS SLKSVAE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:		
QQHHLPOS LG FLNKKEVVFL TWLLRLKLA LPLKYDISFA VLNKLKLVASS VPHFQFLYQA60		
SLLSFPIRM D MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ	95	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:		
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren		15
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		20
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:		
LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCAVQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE	56	
		35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:		
(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		40
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		45
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		50
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:		55
HAEQHMSILM GKLRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60		
SFLLRNPND	69	60
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:		
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren		65

5	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:
10						
15						
20	YILESPILKP SLAPTSGLM PÖGPPHFCN RYPSLSTPS ÖFTPGIARE DEGLANCVGYY60 VSVVLIRDVH DCQSAFLTSTV TTLRCNSSQ KKTFS	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:	(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
25						
30						
35						
40					:	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:
45	PTQFARPKSS RAIPGVGWD GVDNEGVLGL ÖKMGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60 FWATSPCCSQ HGPHTSSRLT TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCRL120 LSAGMRHPWG RCG	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:	(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	(vi) HERKUNFT:
50						
55						
60						
65						

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

5

LKQHSNQHNN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPLD LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

10

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

30

SGVITAEMVW PAKSYLFITL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

35

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

55

KFQCPLIVLS AHSLAHLFTY CLWLLFFYKG RVESQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

60

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

5	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:	
		RYRHTALILC LHIYVGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLIS YYLACHRTSY RPRSKNKTKKF60 FVKTLKRDKK LPTV
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:	
	(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
25	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:	
		VYSANEGÖNE ÖFIDGYSAAD ESLCVSHFNE CKÖRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60 ISRKPFMECSN EEVVNÖGÖSD GSMGKF
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:	
	(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
50	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
55	(vi) HERKUNFT:	
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:
60	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:	

DE 198 18 620 A 1

GAEVLVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSNPD60
VIWSGQGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285: 5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 10
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285: 25

LTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEK LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286: 30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 35
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 40

(vi) HERKUNFT: 45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286: 50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEK PKDKNQRQMG SVTGSLSIL NPIEYCGLTRK60
CQGGD 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287: 55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 60
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 65

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH



FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIETLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIGSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:	20
LILSYSEGKK NYSEIYLIRL ITGILPDISN GLRVFN	36
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:	
(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren	25
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:	
GFLIKYKLNLY LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS	30 45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:	50
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	55
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLTGTFDE LSYLFAFCAS PSNLVHLSH SCYFQVKQDI LGVKSILWVFC FYVYKNGFCV60
PEPCKYQLIM KLTIIIM

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLTFPQL SÖLTVNFKEA GHDSHLSQ NEGRRWADS LSPGVQDEPG QYGPFTSSLTK60
HPIH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PFKCLVSLFN NMNETKDEPD YLVTTHRRRTS SSGNÖILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLLKPP60
ÖKIMÖKTASK SIR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		10
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		15
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:		
SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNTQNPLLR PSQDIRSFQL	50	20
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:		
(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren		25
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		35
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		40
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:		
VLSAHS LAHL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL	50	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:		
(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		50
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		55
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		60
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHATLALIC LHIIVGCFSE TKLERSHHSR DGLACKVLIS YLLACHRTSY RFGSKHHHTKS60
EVKTLPRHKK LPTA

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKRSSE GRDGTASPGT EKYHFWSPIS SLREWTSQST SSGLSDDLIC 60
LYQPMQGSRI HLIVSGPSPQY HWGSKNKFLER QSLGPGSQLI GDVPFQARA EFGTSGHELE120
GNSVSEELGP WP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLMS HPFLPHSYSI TLMAKARDAG PKGKNVLSVF60
SGFYSLVSLH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVGSGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTITKI QNNSIITRLT CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSWMYHCRYE N 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPQPRSRRTI PLSQDSFVLP LSGHTHPHPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

(A) LÄNGE: 408 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEEFMTE QLPQLPSPK WMSCRGCRQG PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60
SGQSGPSVMG KAAACPAATPA SAPSQGLSTFG GPVSCWPGSP LHLHIGGRQL IDLCPCGGRS120
LPESSSSSSS VSNDSAPDGP RGLGCCFEGGV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRRASAF180
LKRVDGDPVL VAPAFFAVAG HLHQAVALPG VRVRVRDQET MÖVSGLGAT GLGRLSQELR240
QALHARHHD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLVNGQ EAEDHAVVWH IHQIGRLVHP300
HCEAIALTSG HQKTLHRGGH RLHLTLRVA RHETLQRAHVA IIHSGCCGT AVPREKLNPP360
SÖRAQNLPTF LERSSKTFCK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNÖR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPQLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGPGW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120
PSCCLACLPL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60
LGGAGCWEG GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

(A) LÄNGE: 472 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60
RPGFQLQGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180
LGTHVNARFK VILENLAPPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240
NRSPEGESR 249

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

30

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60
IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120
YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RESFTLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180
LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKIH 204

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

60

65

5	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (!!!!) HYPOTHETISCH: ja	10	
15	:	15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:	20	RISGCSPRS CCFCPTADR EKKPTBOQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCR 60 WKAATFYVCA QPYSLVCL A YSNISLSKA VHGYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120 CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS
25	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:	25	(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (!!!!) HYPOTHETISCH: ja
30		30	
35		35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
40	:	40	
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:	45	AVMDQVMQEV EPSRQFVKDS IRLVKRCCTKP DKKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFEVVKLIH60 IPINNIIVGG
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:	50	(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (iii) MOLEKÜLTYP: ORF (!!!!) HYPOTHETISCH: ja
55		55	
60		60	
65	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	65	

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

5

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKM SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60
FTKKPMNPPI ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

10

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30

DEKLSSKMY S ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASFNQPN 60
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

35

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

55

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSPFSVN 60
GHRCAVQGSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

60

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

5	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT:	:
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:	
	GKRGÖLWLSLN LLAFCAGYKT RSWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVWCWF PFFVCLTVSK 60	100
	IATLGTAWKV QAFLLARSGL ASSPCLHSVP KEDECCSTLWS	
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:	
	(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
25	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
30	(vi) HERKUNFT:	:
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:	
	SÖIISNLVDN YSIOELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60	101
	LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKMWGYKKPKE T	
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:	
	(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren	
	(B) TYP: Protein	
	(C) STRANG: einzel	
	(D) TOPOLOGIE: linear	
50	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
60	(vi) HERKUNFT:	:
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	
65		

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WRRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEY PEVLGSILGA 60
 LKAIIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPIKLN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120 5
 RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180
 AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240
 LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFQCED SLNHLNLNVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300
 LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYW KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360
 IRLMNLGL 368 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren 15
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 30
 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFTLQORN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60 35
 FISIKYGYIV AQLLKWYCIV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120
 I 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren 40
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 55
 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFF HSNVYFFFF FFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60 60
 YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

65

5	(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzeln (D) TOPOLOGIE: linear	
10	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF (iiii) HYPOTHETISCH: ja	
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:	
25	ERCGGYIQKG YSKAKIYNCE LENVAEFEGL TDESDFTKLY RGSDENEDEP SVVGEFKGSF 60 RIYPLPDPS VPAPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE IQPDNNGLC DPYIKITIGK120 KVIDRDHYI PNTLNPVFGK MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDFTTRDEKV GETIIDLENR180 FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLTQNVAREK GFPQPII SED GSRIRYGGRD240 YSLDEFEANK ILHQHLGAPK ERLALHILRT QGLVPEHVEF RTLHSTFQPN ISQKIQMWV300 DVFPKSLGPP GPFENITPRK AKKYYILRVII WNTKDVILDE KSIITGEEEMSD IYVKGWIPGN360 EENKQKITDVH YRSLDGEENF NWRVFEPEDY LPAEQLCIVA KKEHEWSIDQ TEFRIIPRIL1420 IQIWDNDKFS LDDYLGFLTEL DLRHIIIPAK SPEKCRIDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480 SMKGWPCYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540 SEIWFETNPCK TMKEIWMRRF KMWIIIGLLEL ILLILFVAVL LYSILPNYLSM KIVKPNV 597	
35	(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzeln (D) TOPOLOGIE: linear	
40	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF	
45	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	
55	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:	IRRDKAYLTF KWRDDENPIL QSEFRTRQSS DKSMTWMKCP TGAIDIFNFC DYVKEVDFTD60 NGAEANISKR NPNEFP
60	(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzeln (D) TOPOLOGIE: linear	

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:	
FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60	15
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF	90
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:	20
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:	
TRSLLYFHMF LILWEEVGIP FTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:	45
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:	65

IRNEKKGCYL SVGEMELTVL VLEQDRHLVL MLWSFVIVESH KG 42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLENLCEYV LLEPAICMYR INNFEYSFGQV ILRQSQWIOK 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PRGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSSHLLIR HSLSSHSL 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWDCIWT KNYKKVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFFTV 60
TLWRLKDLVV SCFLKITGIW RPVKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFDPYIV120
LS 122

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKVCWIKAI 60
YTLAKSKAKE IALDPESQQD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFFLQ DLAVTQDGVQ120
WHDH 124

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMIM IDKYPVEVTF60
SNYHCNDNLIS HVTTCNFIAS EP

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFP LKVKYGTEHEN KVNDFKNLTF FRKKKTSYE PSLVNHLLVYK60
IEPFLKKKCFK KILRSHEIMP WS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:	10
KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSGL KEKTILSSIM IYHCAINQKN60	
QVRNTIKTTL KGKNE	75
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:	15
(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	20
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	25
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	30
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:	35
NEYCSWSTCI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FELTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60	
MVIRATYVNA CL	72
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:	40
(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	45
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	50
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	55
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:	60
THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFLHSL60	
YFRLKIDSFL VLTLTLEGT VPGKRSRFTV PNH	93
	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYVVRPAS MTYYDIPHLA AKIKPKQKQV ELEMADITLNL60
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCCS

99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRPFRSAQS APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:	5
GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59	
	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:	
(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	15
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	20
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:	30
QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60	
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRAA EPQERGEPAE GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120	35
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEEAAL CPAPGSH 157	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:	
(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren	40
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	45
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:	
NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60	60
QQTQLQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120	
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GYLLYSQVL180	
FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240	
RARAKNLNLP HGTFGLGFVKL 260	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTAL 60
FRDLSPLSQA SRASELCSGR LCQGYPSPEW EGPVPCSR L TSLRLTCS SV CWSRAMAQAL 120
TAPRAAPQLN QRATFAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKKEV 180
AGRVRAVV QKGRRLRKKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRSRMEIPV EVQPSWLRA SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAEALAL CPTTLAPYYL 60
RAFSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKKHFSF EEIAVKVGE HVEVHARHHEE RPDHGFVAR 120
EHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPGVLSTIQ AAPASAQAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQFQASQ AQSPHPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPQ 60
PATPDSGTLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL QSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHHNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

RTEEEKKKKE KNQEPQLPTP KCMSEYVVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSF PTV 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NEIKWTNRAE LSGWQSWKP APPASHQLENE VSMISQRLTF EKNNHAFILNP N 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 15 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LTPQPPGSGV MHPETCPSTE LASPLPHSIA PGLFLLDDEVL VIATFLIEFY 60
YESPGRRGDS GSWPGRRQV ALEMCKLCR GAELSLCFSE FPLLPPLHTP VAGRNLGFPPEI20
SLGVPPFLPH PGTPRAPGL FILLSEFWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFLEPG GVRRVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKDLG120
QWNEEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60
TWNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAC VALARHVVFV GRLPIHPVEI120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

TLTAHEGEGG KCTEEGDASQ QEGCTIGSDP ICLSEJQVSE EOEEMGQSS AAQRTASVNA 60
EIKVARIHE CQWVEDAPN PDVLLSHKDD VKLGJGGQFS FFLLPSEF 108

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

KFFGNSLHAT PKCTPTIWL ESEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLPPS RHLCTVTAAGHP60
GLEHPPPTD THEYGLP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

LYSIHLHSQT KLSLSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVESV EPAILPPPQT SSAFSPKXA 60
IVEVILIKIL KQKEIVEQFM STKVCILSCSC PVCISSEGLI QIKKILKNEL VTACMQPLSVI20
PL 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

(A) LÄNGE: 457 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEAHTYESEV KLRCLEGYTM DTDTDFTFCQ KDGRWFPERI 60
 SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSVMRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120
 SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQCEN RQWSGGVAIC180
 KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHFVPLCKP240
 NPCVPFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLLQGHG IITCNPDETW TQTSACEKI300
 SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWTS PPICRAVCRF360
 PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLCCEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420
 VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRRTGF 457

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

25

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

45

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60
 RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQKQVQV QLQQAEPQK120
 QVQPVQVQQA HSQGPRQVQL QQEAEPKQV QPQVQVQAHF TAPRAGAAA EEAGPDDFS180
 TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

55

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAE PRQRFEPSELG 60
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRDLCPHAL GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60
ARARAGAQTG CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSGAG PEGWGHHP 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLAEEGS GWRGPHGQV LGLLWRPRL SKLPAVDHLQ SSPRLAELG 60
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRLQLTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120
LAPRDSSFEF QLWLWPLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180
STVLECF 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5	(iii) HYPOTHETISCH: ja	:	
	(vi) HERKUNFT:		
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:	
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:		
15	STIIIGKSKRI EFSRCPTRV GGGPQSRILIN SHRIQTPIGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKIM60 TGHFMSVMPM KPHTLEKPLIN QNYLFS		86
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:		
	(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren		
	(B) TYP: Protein		
	(C) STRANG: einzel		
25	(D) TOPOLOGIE: linear		
	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF		
30	(iiii) HYPOTHETISCH: ja		
35	(vi) HERKUNFT:		
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:	
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:		
45	ITKAIIVSEFV ESSGYTVEVR ESLIILFGAI IKAMQGPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60 NLMGPEEKTE VNVLSFYVMQ ELC		83
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:		
	(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren		
	(B) TYP: Protein		
	(C) STRANG: einzel		
50	(D) TOPOLOGIE: linear		
	(iii) MOLEKÜLTYP: ORF		
55	(iiii) HYPOTHETISCH: ja		
60	(vi) HERKUNFT:		
	(A) ORGANISMUS: MENSCH	:	
65	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:		

DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDPAASFLI FLKTVCFQGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSDFIKGLPANKV HPKYTGKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRT NSPRMTRRHS HVICIFYQL QIVALLRLPP VQEMERKHF60
SELHTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGP SRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60
REQEREGDPM ANFIKKKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:	
		KPTKKHCCQH PKRYRYLNPV IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCICP 60 LPQSPHPSL RKVTYPQHSI CRQVPLPSC WQAWQASAVQ IHWICPLRPS DIQARY 116
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:	
25	(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	:
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:	
45		SENPNPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VKKTGIQOVA GLCGIQLLAQ TTVTTGYLAA 60 YAHYHSPTF TASGKLHILN TPFVCKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRPDIKI20 SVGRRCWITV ARSHFFITLV LGLILLDEVG HRVPLSFLFS 160
50	(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear	
55	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
60	(iiii) HYPOTHETISCH: ja	
65	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQQAQTK AFEFLNHSVT 60
 MLEKESCLQQ IKIQQLLEVL SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120 5
 SEEMQRARTT RCLQLLAQEI RDSKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAGED EISENLVNIQ180
 KMQKTQVKCR KILTKMKQQG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel 15
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

30

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60
 EALGQAPCHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120
 SWSGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPPAL GASDR 155 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear 40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60
 LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLSLAAC GAQHLEKLLN LDLLQAALLL QHGH 114 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

65

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear
(iii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iiii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TASTLRVFF RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGGRGM 60
RSRGEGFV SSSLPDICYR GEGSGHIAKD CDLQEDACYN GRRGGHIAKD CKPPKREHQL20
CCYNGCKPQH LARDCDHDADE QKCYSCGEFG HIQKDCCTKV CYRCGEFTGHV AINCSKTSSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear
(iii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iiii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

LATAVTVDFE CIAADVGYM SETTPIALHE GAVFLNVSEF STRIAFLIC MVAVTSQMAW 60
FATVAVALLS LSLGLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTITAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST LTASTSRTEP GPVARSSTLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
GSQGRGCLF

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

(A) LÄNGE: 316 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear
(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLPV TMSYTGFEVQG SETTLQSTYS DTSAQPTCDY 60
 GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120
 SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYSGSG ERYDSYESCD SRAVLSERDL YRSGYDYSEL180
 DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240
 QCMSGASRLA LPLLPEHHPR VRHVPGACEV GAPSRAASRF GFRVWQWHEA DEGLGLRRGP300
 QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAALLTGSI RMPPCFLEFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60
 PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSGH PGSPVPWDR120
 RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQQAARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFLHLS180
 RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

5 STSHDCVPOA DAAAYSRAD GETEARGRG GADLPASPS RPRAPMPV RSTRGARRR 60
TARGAGSSS AMAAQRLEKR VLSKLQSPSR ARGGSFGG LQKRHAQVTV KYDRREIQRR120
LDVEKWIDGR LEELYRGMER DMPDEINIDE LLESEEEER SRKIQGLKKS CGKPVEDFIQ180
ELTAKLQGLH RQPLRQPS SHDGLSPLO DRARTAHF 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

60 NQKLKQQAQ SFSEGCCKE NILSFLQGN HCPGVASGR HNTSKVQGM L ARKGGILDCC 60
LLESPSPFPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

60 VERFHSIMVL SLDTPSTYLQ FSRRAAGTL GCKPNLGSME ALNPNQRRS ECTFHHAAG60
CWPREFCVESQ PSEITSELVA VTNSSWTMK LIYEPI 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60
LLPHSLPPGV FFPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVWEKQ QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120
YSGIVGPDOW HSDSQLWFEW NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMV LNVNKALIY180
WHGCKAQAH KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFA ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360
LIHAGLEPLT FTMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(!!!!) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVEHGDLC NFRVHLCDS DVLSPAGK HIGECGLQT SVDKVRLEGW FLFISSAVL 60
EHSIHRITLV GPADAGTS DLVLDPAL FEVHLVIVN KECWLGRAV QIFLQEGHGT120
DHRGSGRVH KLCCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRIKHA IVGFPVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(!!!!) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

.....

VDVKHHHSS GPQATVTGH EQQIPFHGH STAAVQPPLT LHIFFLEPP RVVHHHPPLE120
TLQETGGLTS LENDLDGPPF LVQLRHQRRA RALTIHGVP ALPEVDAL FAGCPHRLS180
234
TLATSHCHRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPATVEFQD VPDHGNAGD LKL P

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHK KYFSLSYGFW60
FTGLRGFSEY LWPQQHTQFP S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383: 5

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 10
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: 20
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383: 25

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTFLKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60
A 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384: 30

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 35
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: 45
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384: 50

PPDFFFLFFR GYFYICVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385: 55

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 60
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 65

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCSCS TALFRTQTJA AAVPRMVIHV YIASSSGSTJA IKKKQÖDVIG FLEANKIGFE 60
EKDIAANEEN RKMRENVP E NSRPATGYPL PPÖIFNESÖY RGDYDAFFEA RENNNAVYAFL120
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILTL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAAMAGI QLGAEITAVGGR60
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

FCIHFECHLV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LTFYKSNQDS FFRMLKAQCL RFMLAALAL60
LLPLNQVGLS SLRHHTLHYF LWLQRRHHSP RDTGFH 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLNILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TEAFLTQVFL WNMMDKYTMIR KLEGGHHHDVV 60
ACDFSPDGAL LATAASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLEPP PPIFAAGGAN DRWRSVSFS120
HDGLHVASLA DDMVRFWRI DEDYFVQVAP LSNGLCCAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180
FRQVPSLQHL CRMISIRVWP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iiii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQKMEEN EEQPDDEKRP EVTCTLEDKK 60
LENEGKTEWK GKTGDEEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

15 RFPYLGFPPLS RPPPSLTLP LTFLLLP LSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRLTSC 60
LPEYKLLAF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHC RVFPCRD FPFSCPAGI LDRLLLLFSF120
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

20

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24-127.
 - 25 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-127, oder eine komplementäre oder al-
- 30 lellische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalge-
- webe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend
- den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Ho-
- mologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Ho-
- mologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Se-
- 40 quenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisie-
- ren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Frag-
- ments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Frag-
- 45 ments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biolo-
- gisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprü-
- che 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-
- 50 rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kas-
- sette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch akti-
- ves Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Ge-
- 55 nen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-
- Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zell-
- 60 system ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsy-
- stem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirts-
- 65 zellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Se-
- quenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können.
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen tumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor.
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronsstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Daten-bank

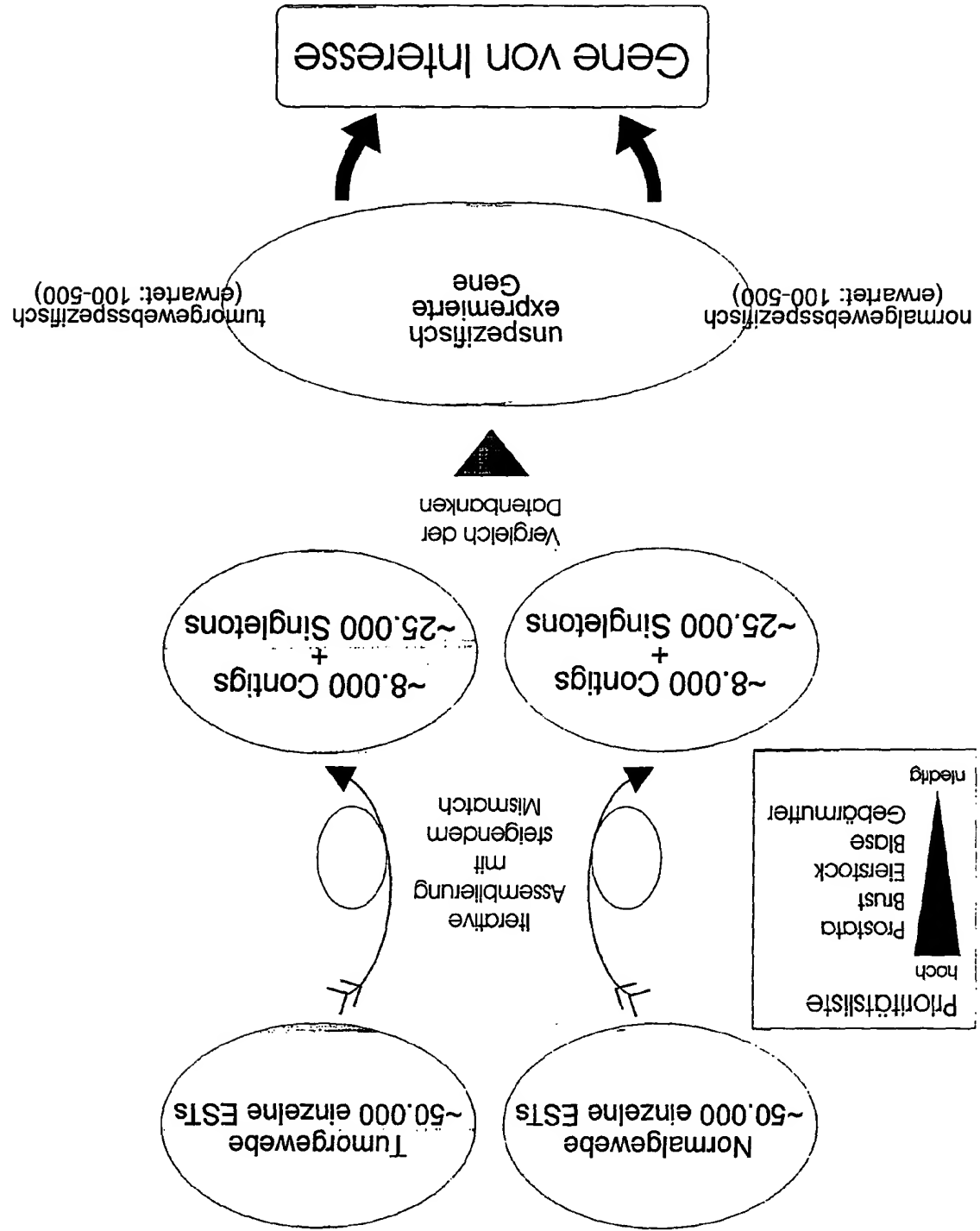


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

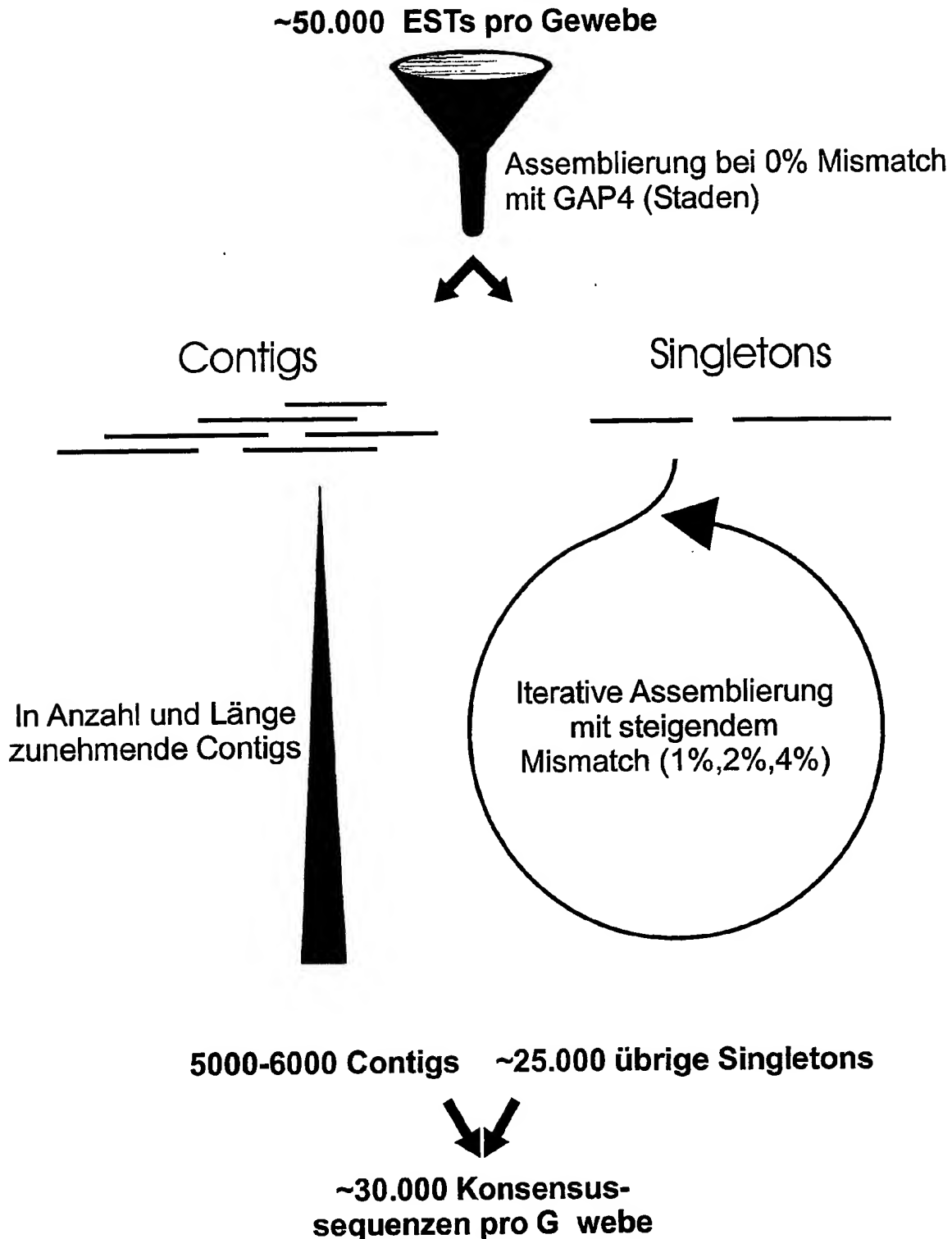


Fig. 2a

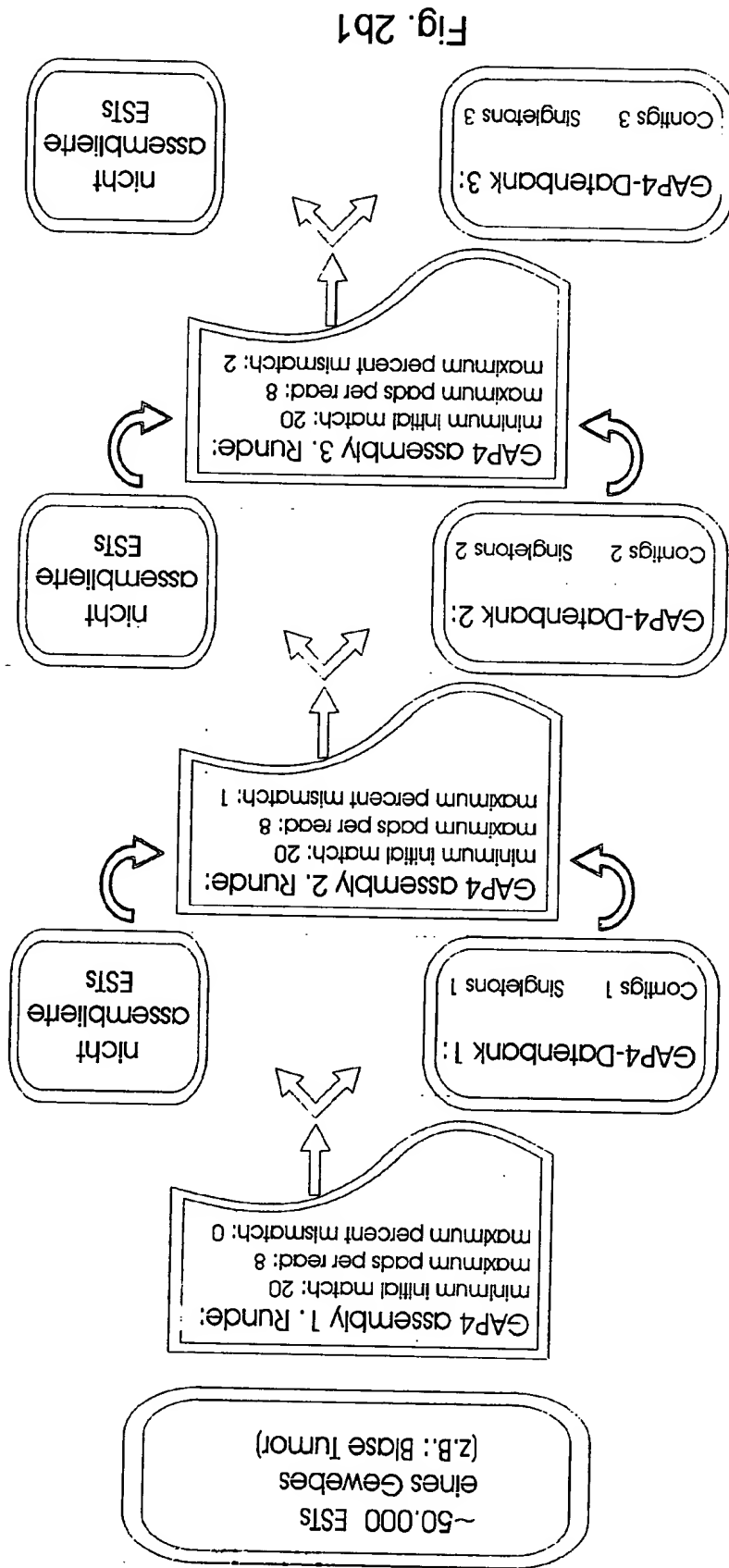


Fig. 2b1

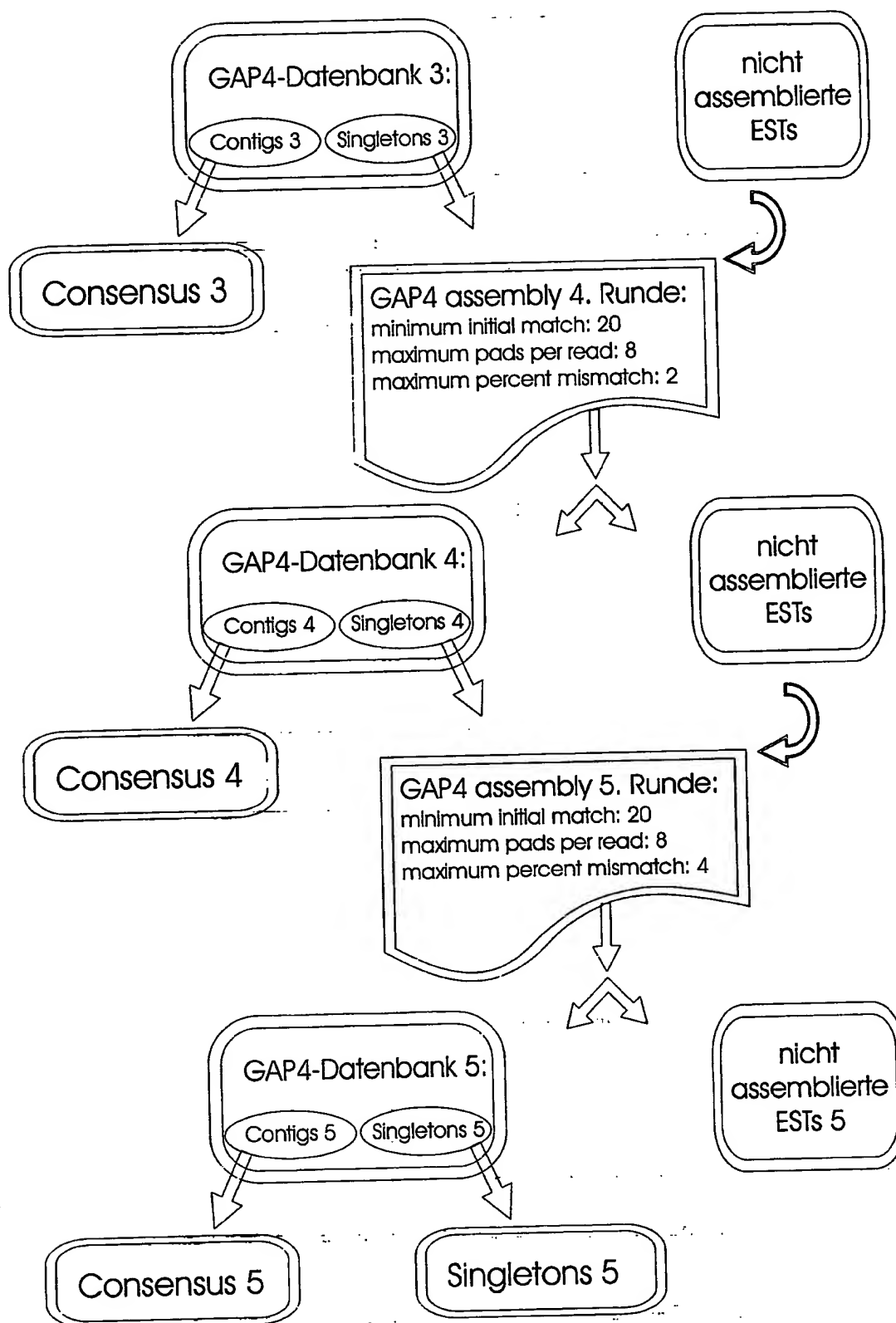


Fig. 2b2

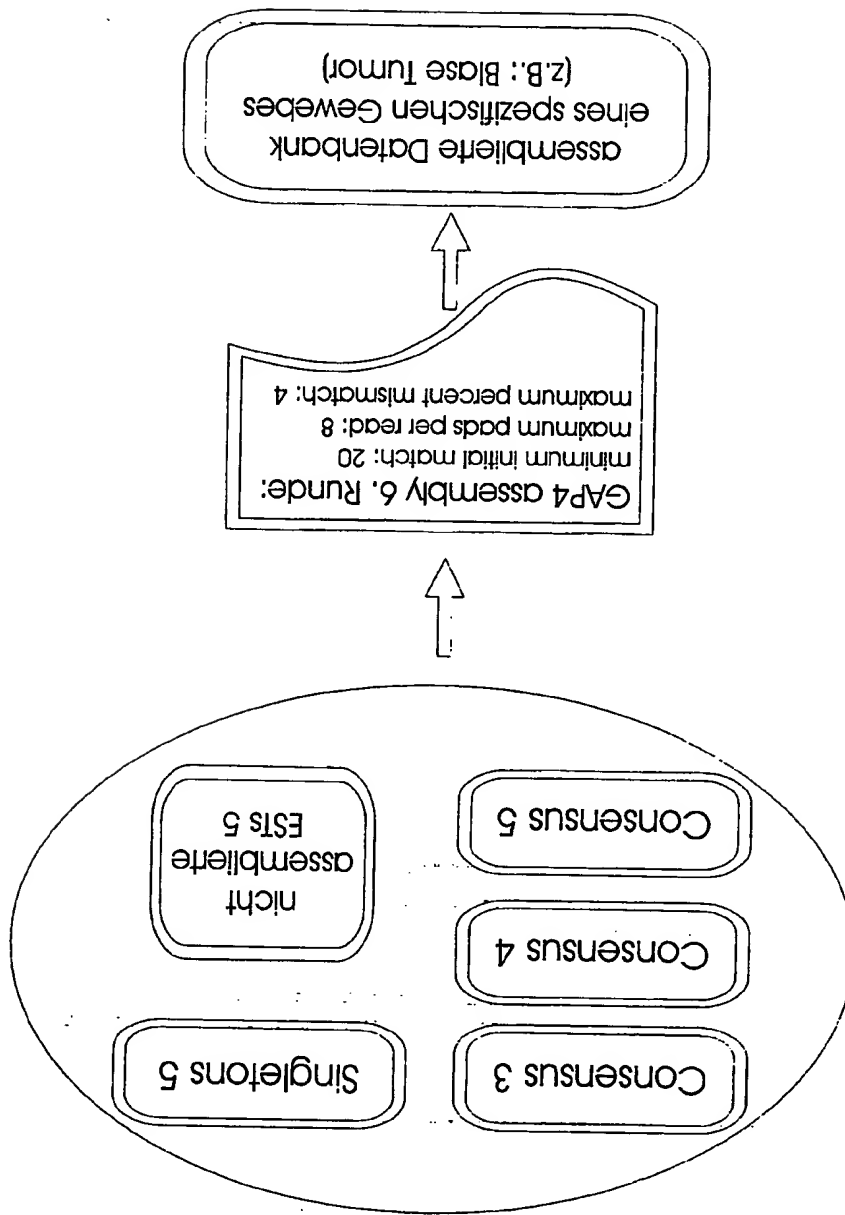


Fig. 2b3

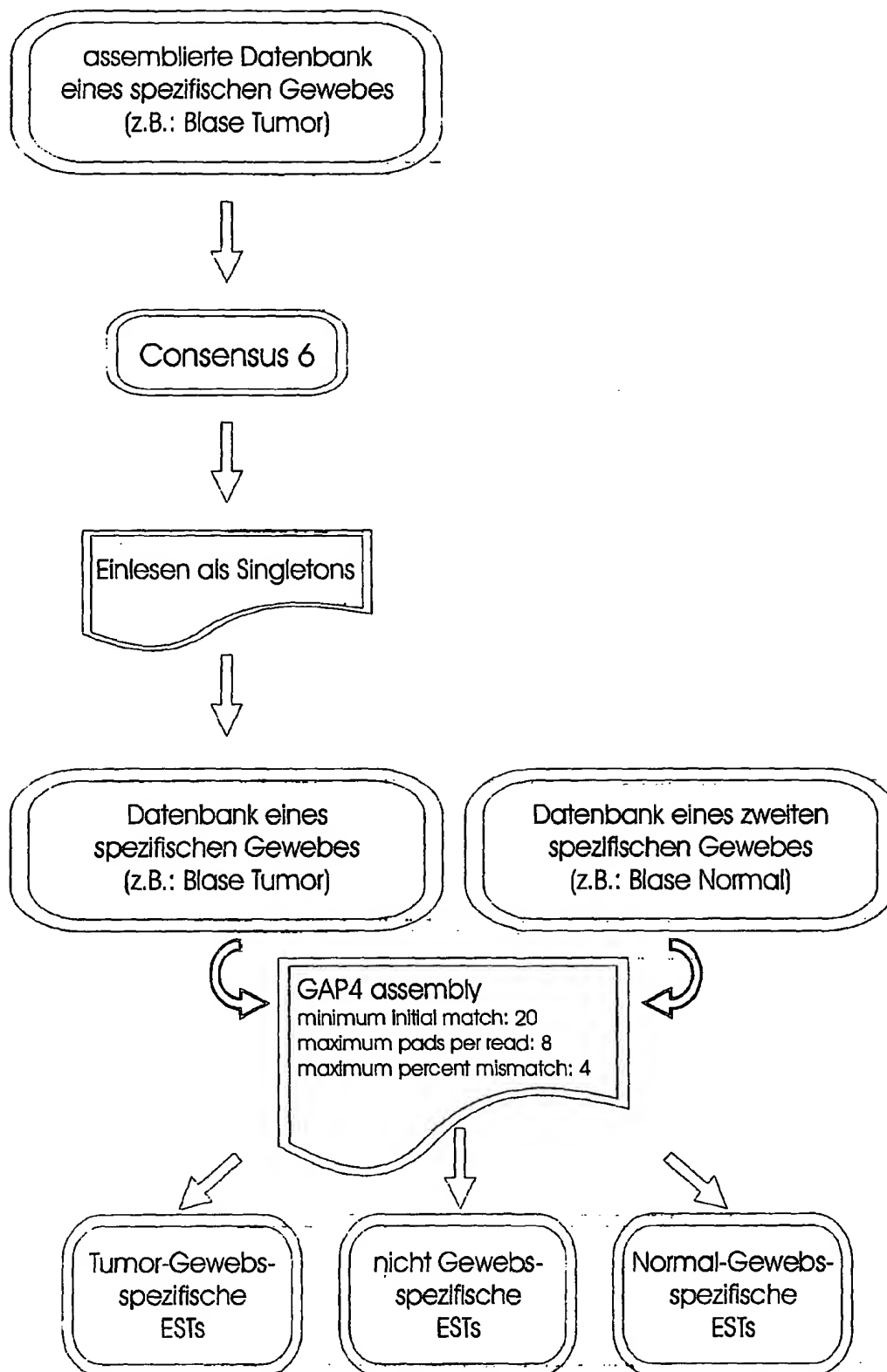


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

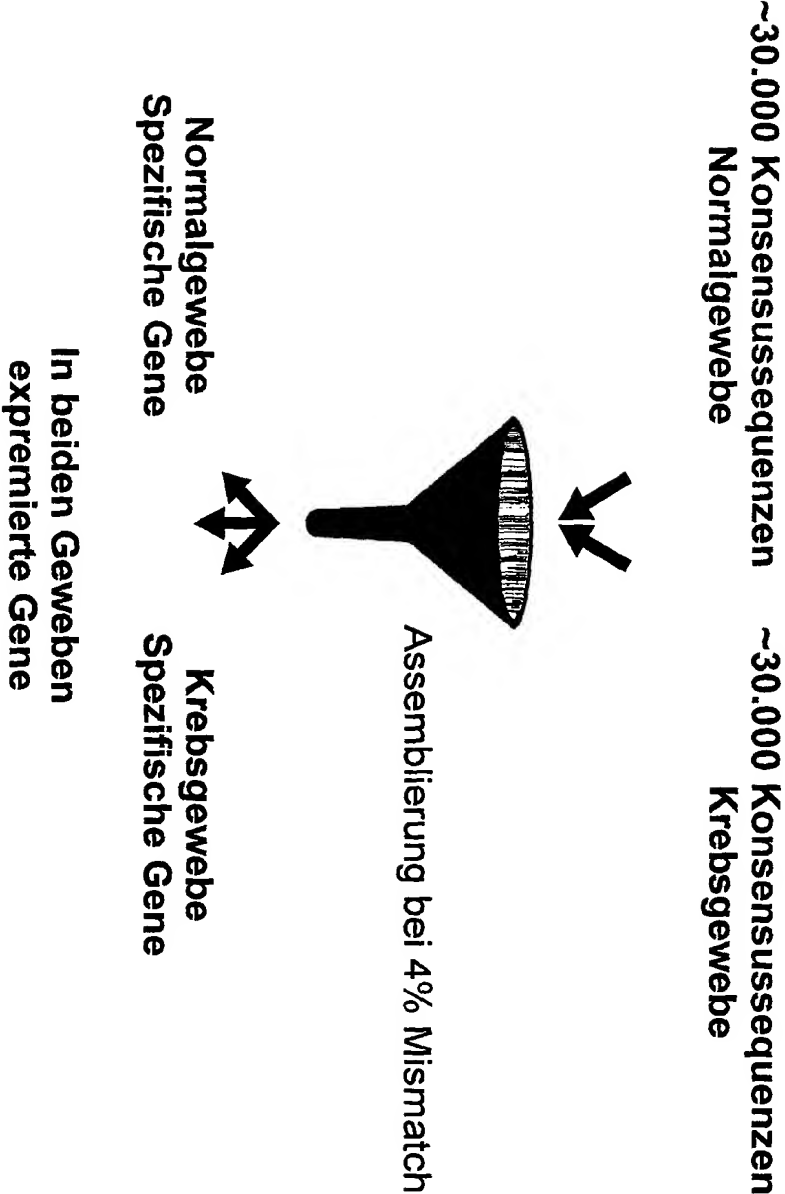


Fig. 3

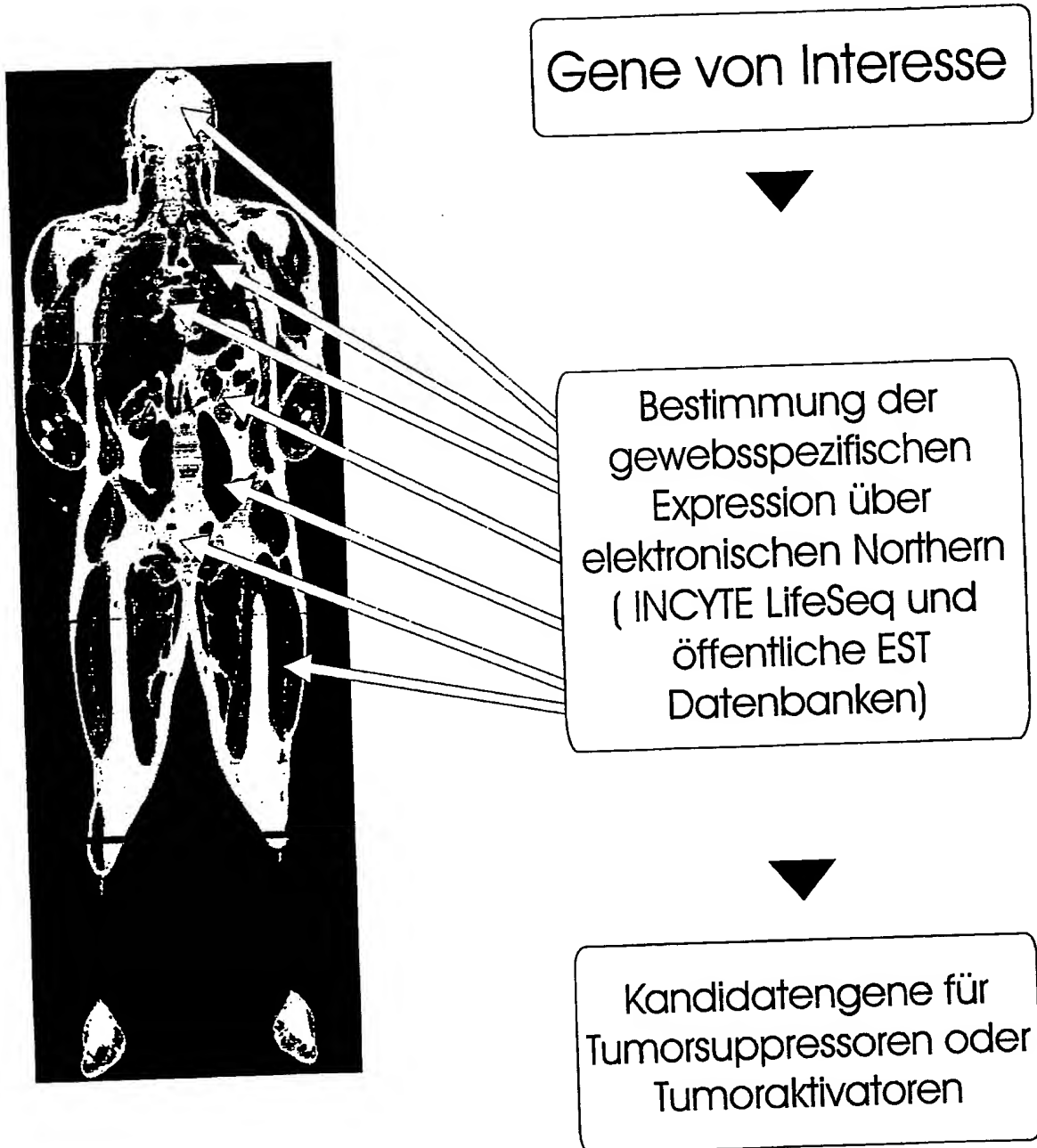


Fig. 4a

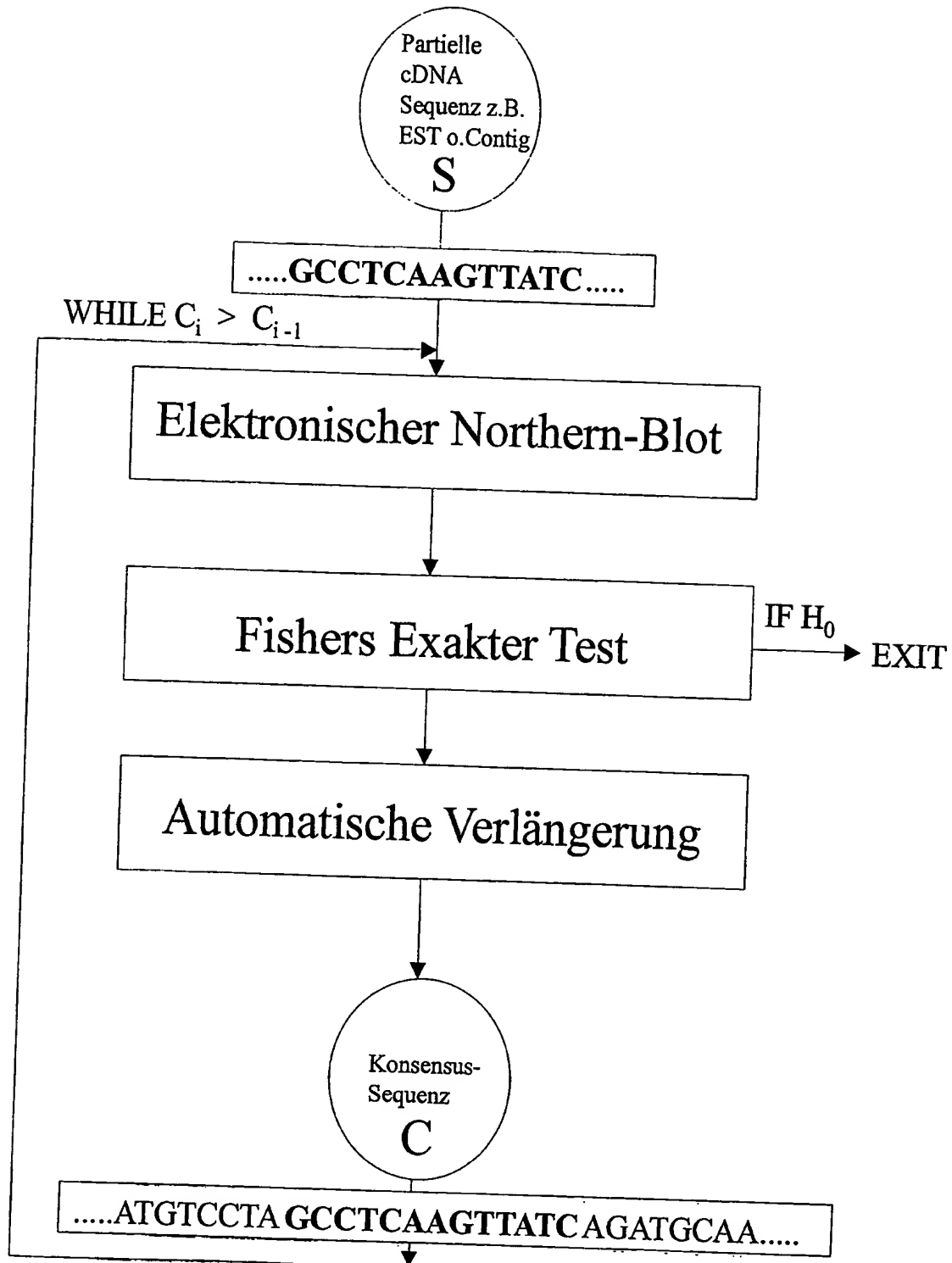
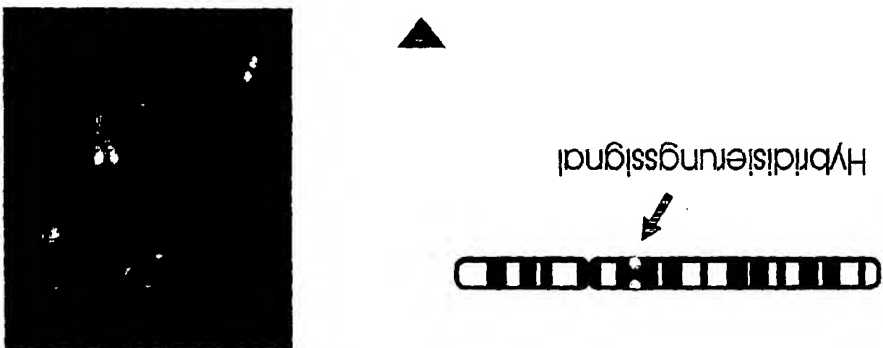


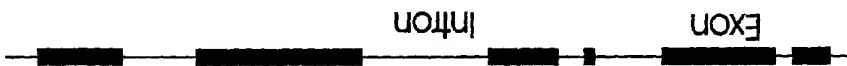
Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen
lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen
in Prostata- und Brustkrebs aufweisen,
führt zur Identifizierung von Kandidatengen



Bestätigung der Kandidatengene durch
Screening von Mutationen und/oder
Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5